(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2024-0056729
(43) 공개일자 2024년04월30일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12N 15/113 (2010.01) *A61K 48/00* (2006.01)
A61P 25/14 (2006.01) *A61P 25/28* (2006.01)
C12N 15/11 (2006.01) *C12N 15/86* (2006.01)
(52) CPC특허분류
C12N 15/113 (2013.01)
A61K 48/005 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2024-7010174(분할)
(22) 출원일자(국제) 2017년05월18일
심사청구일자 없음
(62) 원출원 특허 10-2022-7013840
원출원일자(국제) 2017년05월18일
심사청구일자 2022년05월24일
(85) 번역문제출일자 2024년03월26일
(86) 국제출원번호 PCT/US2017/033268
(87) 국제공개번호 WO 2017/201248
국제공개일자 2017년11월23일
(30) 우선권주장
62/338,137 2016년05월18일 미국(US)
62/485,050 2017년04월13일 미국(US)

(71) 출원인
보이저 테라퓨틱스, 인크.
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 64
(72) 발명자
사 디나 웬-이
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
후 진쟈오
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
노넨마허 마티유
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
(74) 대리인
장훈

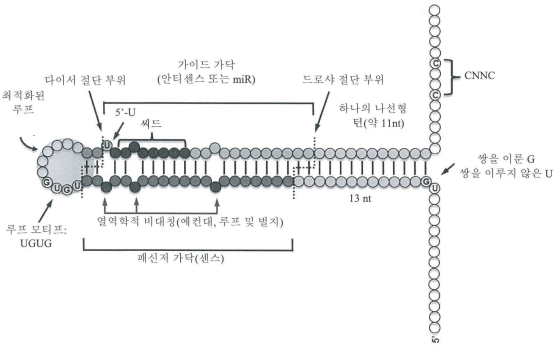
전체 청구항 수 : 총 29 항

(54) 발명의 명칭 **조절성 폴리뉴클레오티드**

(57) 요 약

본 발명은 조절성 폴리뉴클레오티드의 제제, 제조 및 치료적 사용을 위한 조성물 및 방법에 관한 것이다.

대 표 도 - 도1



(52) CPC특허분류
A61P 25/14 (2018.01)
A61P 25/28 (2018.01)
C12N 15/111 (2013.01)
C12N 15/86 (2013.01)
C12N 2310/141 (2013.01)
C12N 2310/531 (2013.01)
C12N 2750/14143 (2013.01)
C12N 2830/50 (2013.01)

명 세 서

청구범위

청구항 1

(a) 서열번호 9, 1-8 중 어느 하나의 뉴클레오티드 서열을 포함하는 5' 측부 (flanking) 영역;

(b) 서열번호 19, 16, 15, 17, 18 중 어느 하나의 뉴클레오티드 서열을 포함하는 루프 영역; 및

(c) 서열번호 27 또는 20-26의 뉴클레오티드 서열을 포함하는 3' 측부 영역

을 포함하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 5' 측부 영역이 서열번호 9의 뉴클레오티드 서열을 포함하고, 상기 루프 영역이 서열번호 19의 뉴클레오티드 서열을 포함하고, 상기 3' 측부 영역이 서열번호 27의 뉴클레오티드 서열을 포함하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 3

제1항 또는 제2항에 있어서, 패신저 가닥 및 가이드 가닥을 추가로 포함하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 4

제3항에 있어서, 상기 패신저 가닥이 상기 5' 측부 영역 및 상기 루프 영역 사이에 위치하고, 상기 가이드 가닥이 상기 루프 영역 및 상기 3' 측부 영역 사이에 위치하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 5

제3항에 있어서, 상기 가이드 가닥이 상기 5' 측부 영역 및 상기 루프 영역 사이에 위치하고, 상기 패신저 가닥이 상기 루프 영역 및 상기 3' 측부 영역 사이에 위치하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 6

제3항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 가이드 가닥, 상기 패신저 가닥, 또는 상기 가이드 가닥 및 상기 패신저 가닥 둘 모두가 15-30개 또는 21-25개 뉴클레오티드 길이인, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 7

제3항 내지 제6항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 가이드 가닥 및 패신저 가닥이 각각 21개 뉴클레오티드 길이인, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 8

제3항 내지 제7항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 패신저 가닥이 상기 가이드 가닥과 적어도 70% 상보적인, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 9

제3항 내지 제8항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 가이드 가닥이 표적 RNA와 적어도 60% 상보적이고, 여기서, 상기 표적 RNA가 신경계 세포, 조직 또는 기관에서 발현되는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 10

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 조절성 폴리뉴클레오티드가 pri-miRNA인, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 11

제1항 내지 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 조절성 폴리뉴클레오티드가 SOD1 유전자의 발현을 표적으로 하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 12

제1항 내지 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 조절성 폴리뉴클레오티드가 Htt 유전자의 발현을 표적으로 하는, 조절성 폴리뉴클레오티드.

청구항 13

2개의 역위 말단 반복(inverted terminal repeat; ITR) 사이에 위치한 핵산 서열을 포함하는 바이러스 게놈으로서, 상기 핵산 서열이 제1항 내지 제12항 중 어느 한 항의 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는, 바이러스 게놈.

청구항 14

제13항에 있어서,

(i) 상기 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 뉴클레오티드 서열에 작동적으로 연결된 프로모터;

(ii) 인핸서;

(iii) 인트론 영역; 및

(iv) 폴리 A 신호 영역

중의 하나, 둘, 셋 또는 모두를 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 15

제14항에 있어서,

(i) 상기 프로모터가 CBA 프로모터, H1 프로모터, PGK 프로모터, 시냅신 프로모터, GFAP 프로모터, 또는 EF-1α 프로모터이거나;

(ii) 상기 인핸서가 CMV 인핸서이거나; 또는

(iii) 상기 인트론이 SV40 인트론인, 바이러스 게놈.

청구항 16

제13항 내지 제15항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바이러스 게놈이 단일 가닥 또는 자기-상보적(self-complementary)인, 바이러스 게놈.

청구항 17

제13항 내지 제16항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈 및 AAV 캡시드 단백질을 포함하는, 재조합 아데노-관련 바이러스 (recombinant adeno-associated virus: rAAV).

청구항 18

제17항에 있어서, AAV1 캡시드 단백질 또는 이의 변이체, AAV5 캡시드 단백질 또는 이의 변이체, AAVrh10 캡시드 단백질 또는 이의 변이체, 또는 AAV9 캡시드 단백질 또는 이의 변이체를 포함하는, rAAV.

청구항 19

제1항 내지 제12항 중 어느 한 항의 조절성 폴리뉴클레오티드 또는 제13항 내지 제16항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는, 벡터.

청구항 20

제1항 내지 제12항 중 어느 한 항의 조절성 폴리뉴클레오티드, 제13항 내지 제16항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈, 제17항 또는 제18항의 rAAV, 또는 제20항의 벡터를 포함하는, 세포.

청구항 21

제20항에 있어서, 포유동물 세포, HEK293 세포, 곤충 세포, Sf9 세포, 중추 신경계의 세포, 뉴런, 중간 돌기 뉴런(medium spiny neuron), 운동 뉴런 또는 성상세포인, 세포.

청구항 22

제1항 내지 제12항 중 어느 한 항의 조절성 폴리뉴클레오티드, 제13항 내지 제16항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈, 제17항 또는 제18항의 rAAV 및 약제학적으로 허용되는 부형제를 포함하는, 약제학적 조성물.

청구항 23

제1항 내지 제12항 중 어느 한 항의 조절성 폴리뉴클레오티드, 제13항 내지 제16항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈, 제17항 또는 제18항의 rAAV, 또는 제22항의 약제학적 조성물을 포함하는, 질환을 치료하는 데 사용하기 위한, 조성물.

청구항 24

제23항에 있어서, 상기 질환은 중추신경계의 질환이고, 상기 조절성 폴리뉴클레오티드는 CNS 장애와 관련된 유전자의 발현을 표적화하는, 조성물.

청구항 25

제24항에 있어서, 상기 질환은 헌팅턴병 또는 ALS인, 조성물.

청구항 26

제24항 또는 제25항에 있어서, 상기 조절성 폴리뉴클레오티드는 HTT 유전자의 발현을 표적화하는, 조성물.

청구항 27

제24항 또는 제25항에 있어서, 상기 조절성 폴리뉴클레오티드는 SOD1 유전자의 발현을 표적화하는, 조성물.

청구항 28

제23항 내지 제27항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 조성물이 정맥내 투여 또는 수조내(intracisternal) 투여를 통한 투여용으로 제형화되는, 조성물.

청구항 29

제13항 내지 제16항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는 폴리뉴클레오티드, AAV rep 유전자를 암호화하는 적어도 하나의 폴리뉴클레오티드, 및 AAV cap 유전자를 암호화하는 적어도 하나의 폴리뉴클레오티드를 세포에 제공하는 단계; 및 상기 세포로부터 재조합 AAV를 수확하는 단계를 포함하는, 재조합 AAV의 제조 방법.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] **관련된 출원에 대한 상호 참조**

[0002] 본 출원은 2016년 5월 18일자에 출원된 조절성 폴리뉴클레오티드라는 제목의 미국 가특허 출원 제62/338,137호, 및 2017년 4월 13일자로 출원된 조절성 폴리뉴클레오티드라는 제목의 미국 가특허 출원 제62/485,050호에 대한 우선권을 주장하며, 각각의 내용 전체는 참조로써 본원에 포함된다.

[0003] **서열 목록에 대한 참조**

[0004] 본 출원서는 전자 포맷으로 된 서열목록과 함께 출원된다. 서열 목록은 2017년 5월 18일에 생성된 20571039PCT.txt라는 파일의 제목으로 제공되고, 그 크기는 4,301,289 바이트이다. 서열 목록의 전자 포맷으로 된 정보는 그 전체가 참조로써 본원에 포함된다.

[0005] **발명의 기술 분야**

[0006] 본 발명은 조절성 폴리뉴클레오티드의 설계, 제제, 제조 및/또는 제형을 위한 조성물, 방법, 공정, 키트 및 장치에 관한 것이다. 일부 구현예에서, 이러한 조절성 폴리뉴클레오티드는 재조합 아데노-관련 바이러스(AAV)에 의해 암호화되거나 이들 내에 존재할 수 있고, 인공 마이크로RNA, 인공 pre-마이크로RNA 및/또는 인공 pri-마이크로RNA일 수 있다.

배 경 기 술

[0007] **발명의 배경**

[0008] 마이크로RNA(또는 miRNA 또는 miR)는 보통 길이가 19 내지 25 뉴클레오티드인, 작고 비암호화된 단일 가닥의 리보핵산 분자(RNA)이다. 포유류의 게놈에서 1000개가 넘는 마이크로RNA가 확인되었다. 성숙한 마이크로RNA는 표적 mRNA의 상보적인 서열과 부분적으로 또는 완전하게 짝을 지어 주로 표적 메신저 RAN(mRNA)의 3' 비번역 영역(3' UTR)에 결합하여 전사 후 수준에서 표적 mRNA의 분해를 촉진하고, 일부 경우에는 번역 개시를 저해한다. 마이크로RNA는 세포 주기 및 성장 조절, 사포자멸, 세포 증식 및 조직 발달과 같은 다수의 주요 생물학적 처리과정에서 중요한 역할을 한다.

[0009] miRNA 유전자는 일반적으로 miRNA의 긴 1차 전사물(즉, pri-miRNA)로서 전사된다. pri-miRNA는 절단되어 miRNA의 전구체(즉, pre-miRNA)가 되고, 이는 추가로 처리되어 성숙하고 기능적인 miRNA를 생산한다.

[0010] 많은 발현 전략이 핵산에 기초한 방식을 사용하지만, 보다 높은 특이성 및 보다 적은 비표적화를 갖는 개선된 핵산 방식에 대한 필요성이 있다.

[0011] 본 발명은 인공 pri-, pre- 및 성숙한 마이크로RNA 작제물 형태의 개선된 방식 및 그 설계 방법을 제공한다. 이러한 신규한 작제물은 합성 가닥-단독의 분자일 수 있거나, 세포로의 전달을 위해 플라스미드 또는 발현 벡터에 암호화될 수 있다. 이러한 벡터는 비제한적으로 임의의 AAV 혈청형의 벡터 게놈 또는 렌티 바이러스와 같은 기타 바이러스 전달 비히클과 같은 아데노-관련된 바이러스 벡터를 포함한다.

발명의 내용

[0012] **발명의 요약**

[0013] 조절성 폴리뉴클레오티드의 설계, 제제, 제조 및/또는 제형을 위한 조성물, 방법, 공정, 키트 및 장치가 본원에 기술된다.

[0014] 일부 구현예에서, 이러한 조절성 폴리뉴클레오티드는 플라스미드 또는 벡터 또는 재조합 아데노-관련 바이러스(AAV)에 의해 암호화되거나 이들 내에 함유될 수 있고, 인공 마이크로RNA, 인공 pre-마이크로RNA 및/또는 인공 pri-마이크로RNA를 포함할 수 있다.

[0015] 본 발명의 다양한 구현예의 세부사항이 아래의 설명에서 제시된다. 본 발명의 다른 특징, 목적 및 이점은 상세한 설명, 도면 및 청구범위로부터 명백해질 것이다.

도면의 간단한 설명

[0016] **도면의 간단한 설명**

전술한 목적 및 다른 목적, 특징 및 이점은 첨부된 도면에서 도시된 바와 같이 특정 구현예에 대한 다음의 설명으로부터 명백해질 것이며, 동일한 참조 부호는 상이한 도면 전반에 걸쳐 동일한 부분을 지칭한다. 도면은 축척일 필요는 없으며, 대신에 본 발명의 다양한 구현예의 원리를 설명할 때 강조된다.

도 1은 본 발명에 따른 AAV 벡터에 포장된(packaged) 바이러스 게놈의 부분인 인공 pri-마이크로RNA를 나타낸 것이다. 도 1은 서열번호 943을 개시한다.

도 2는 ITR, 인트론(I) 및 폴리A(P)와 관련하여 조절성 폴리뉴클레오티드(MP)의 위치를 나타내는 도이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0017] **발명의 상세한 설명**

[0018] <u>I. 발명의 조성물</u>

[0019] 조절성 폴리뉴클레오티드

[0020] 본 발명에 따르면, 인공 마이크로RNA로서 기능하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 제공된다. 본원에서 "조절성 폴리뉴클레오티드"는 표적 유전자의 수준 또는 양을 조절(증가 또는 감소)하는 기능을 하는 임의의 핵산 중합체이다. 조절성 폴리뉴클레오티드는 조절 전에 세포내에서 처리되는 전구체 분자를 포함한다. 조절성 폴리뉴클레오티드 또는 이들의 처리된 형태는 세포로의 전달을 위해 플라스미드, 벡터, 게놈 또는 다른 핵산 발현 벡터에 암호화될 수 있다.

[0021] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 적어도 하나의 siRNA 분자를 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 핵산은 1개 초과가 존재하는 경우, 독립적으로 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 9개 초과의 siRNA 분자를 암호화할 수 있다.

[0022] 일부 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 세포내에서 처리되어 고도로 특이적인 인공 마이크로RNA를 생산하는 1차 마이크로RNA(pri-miR) 또는 전구체 마이크로RNA(pre-miR)로서 설계된다.

[0023] 조절성 폴리뉴클레오티드, 특히 본 발명의 인공 마이크로RNA는 표준 또는 공지된 마이크로RNA, pri-마이크로RNA 또는 pre-마이크로RNA의 서열 또는 구조에 기초하여 설계될 수 있다. 이러한 서열은 미국공개특허 제US2005/0261218호 및 제US2005/0059005호(이들 각각의 내용이 참조로써 본원에 포함됨)에서 교시된 바와 같은 임의의 공지된 마이크로RNA 또는 이의 전구체에 해당할 수 있다.

[0024] 마이크로RNA(또는 miRNA 또는 miR)는 19 내지 25 뉴클레오티드 길이의 비암호화 RNA이며, 핵산 분자의 3'UTR에 결합하여 핵산 분자의 안정성을 감소시키거나 번역을 저해함으로써 유전자 발현을 하향조절한다. 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 하나 이상의 마이크로RNA 서열, 마이크로RNA 씨드 또는 인공 마이크로RNA, 예컨대 마이크로RNA로 가능하는 서열을 포함할 수 있다.

[0025] 마이크로RNA 서열은 "씨드" 영역, 즉, 성숙한 마이크로RNA의 2 내지 9번 위치의 영역에 있는 서열이며, 이러한 서열은 miRNA 표적 서열에 대해 완벽한 왓슨-크릭 상보성을 갖는다. 마이크로RNA 씨드는 성숙한 마이크로RNA의 2 내지 8번 또는 2 내지 7번 또는 2 내지 9번 위치를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 마이크로RNA 씨드는 7 뉴클레오티드(예컨대, 성숙한 마이크로RNA의 2 내지 8 뉴클레오티드)를 포함할 수 있고, 해당하는 miRNA 표적에서의 씨드-상보적인 부위는 마이크로RNA의 1번 위치에 반대되는 아데닌(A)에 의해 측부에 위치한다. 일부 구현예에서, 마이크로RNA 씨드는 6 뉴클레오티드(예컨대, 성숙한 마이크로RNA의 2 내지 7 뉴클레오티드)를 포함할 수 있고, 해당하는 miRNA 표적에서의 씨드-상보적인 부위는 마이크로RNA의 1번 위치에 반대되는 아데닌(A)에 의해 측부에 위치한다. 예컨대, Grimson A, Farh KK, Johnston WK, Garrett-Engele P, Lim LP, Bartel DP; Mol Cell. 2007 Jul 6;27(1):91-105를 참조(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨). 자연발생의 마이크로RNA에서, 마이크로RNA 씨드의 염기는 표적 서열에 완벽한 상보성을 갖는다.

[0026] 본원에 교시된 바와 같이, 제한된 비표적(off target) 효과를 갖는 우수한 표적 유전자 조절 특성을 갖는 설계 파라미터 또는 규칙이 확인되었고, 조절성 폴리뉴클레오티드(예컨대, 인공 마이크로RNA)를 고안하기 위해 적용된다.

[0027] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드의 분자 지지체는 목적하는 표적 유전자 조절 특성을 갖는 조절성 폴리뉴클레오티드를 생성하기 위해 설계되고 최적화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 제한된 비표적 효과를 갖는 우수한 표적 유전자 조절 특성을 가질 수 있다.

[0028] 하나의 구현예에서, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드, 예컨대 인공 miR은 고도로 특이적인 표적 인식 및 낮은 가이드/패신저 비를 야기하는 전술된 규칙에 따라 조립된 모듈 요소 또는 서열 모티프로 구성된다. 이러한 모듈 또는 서열 모티프는, 비제한적으로 이중 가닥 영역, 측부 영역, 루프, 최적화된 루프, UGUG 루프, GU 도메인, 스페이서(근부 및 원위 모티프 또는 모듈 간격을 제어하거나 구조적 요소, 예컨대 턴(turn), 루프 또는 벌지를 도입하기 위한 것임), CNNC 모티프, 및 루프, 벌지, 미스매치, 워블 및/또는 이들의 조합을 포함할 수 있는 열역학적 비대칭 영역을 포함한다. 인공 miR을 제작하는 경우 단독 또는 조합하여 적용될 수 있는 규칙의 비제한적인 예는 Seitz 등 *Silence* 2011, 2:4; Gu 등, *Cell* 151, 900-911, November 9, 2012; Schwartz 등, *Cell*, Vol. 115, 199-208, October 17, 2003; Park 등, *Nature*, Vol. 475, 101, 14 July 2011; Ketley 등, 2013, *PLoS ONE* 8(6); Liu 등, *Nucleic Acids Research*, 2008, Vol. 36, No. 9 2811-2824; Dow 등, 2013, Nat Protoc. ; 7(2): 374-393. doi:10.1038/nprot.2011.446; Auyeung 등, *Cell* 152, 844-858, February 14, 2013; Gu 등, *Cell* 2012 Nov 9, 151(4):900-11; Fellmann 등, Molecular Cell 41, 733-746, 2011; Han 등, Cell 125, 887-907, 2006; Betancur 등, Frontiers in Genetics, Vol. 3, Art. 127, 1-6 July 2012; Schwarz 등,

Cell Vol 115, 199-208, 2003을 포함하며, 이들 각각의 내용의 전체가 참조로써 본원에 포함되어 있다.

[0029] 하나의 구현예에서, 임의의 공지된 RNAi 작제물 또는 RNAi 제제가, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드 또는 인공 마이크로RNA의 패신저 및/또는 가이드 가닥의 설계를 위한 출발 작제물로서 기능할 수 있다. 이들은 표준 siRNA, 작은 간섭 RNA(siRNA), 이중 가닥 RNA(dsRNA), 역위 반복, 짧은 머리핀 RNA(shRNA), 작은 일시적으로 조절된 RNA(stRNA), 군집 저해성 RNA(cRNA), 예컨대 라디칼 군집 저해성 RNA, 비대칭 군집 저해성 RNA, 선형 군집 저해성 RNA, 및 군집 저해성 RNA 복합체 또는 화합물, 다이서 기질, DNA-지시 RNAi(ddRNAi), 단일-가닥 RNAi(ssRNAi), 마이크로RNA(miRNA) 길항제,마이크로RNA 모방체, 마이크로RNA 작용제, blockmir(Xmir로도 알려짐), 마이크로RNA 모방체, 마이크로RNA 추가(addback), 슈퍼miR, 국제공개특허 제WO/2005/013901호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 개시된 올리고머 작제물, 미국공개특허 제20090131360호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 개시되어 있는 것들과 같은 3부(tripartite) RNAi 작제물, 국제공개특허 제WO/2010/011346호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 개시된 단독-rxRNA 작제물, 국제공개특허 제WO/2010/033247호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 개시된 sd-rxRNA 작제물, 국제공개특허 제WO/2010/002851호 및 제WO/2009/141146호(이들 내용의 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 개시된 바와 같이 RNA 수준을 감소시키고 면역 반응 또한 조절하는 이중 작용 RNAi 작제물, 및 국제공개특허 제WO/2006/130201호, 제WO/2007/086990호, 제WO/2009/046397호, 제WO/2009/149182호, 제WO/2009/086428 호(이들 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 개시된 바와 같이 설계된 표적의 발현을 증가시키는 항원 RNAs(agRNA) 또는 작은 활성화 RNA(saRNA)를 포함한다.

[0030] 마찬가지로, 상기 나열된 마이크로RNA의 pri- 또는 pre-마이크로RNA 전구체는 또한 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드의 분자 지지체로서 작용할 수 있다.

[0031] 하나의 구현예에서, 출발 작제물은 임의의 관련된 종, 예컨대 비제한적으로, 마우스, 랫트, 개, 원숭이 또는 인간으로부터 유래될 수 있다.

[0032] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 프로모터, 예컨대 비제한적으로 CMV, U6, H1, CBA 또는 SV40 또는 인간 베타글로빈 인트론을 가진 CBA 프로모터의 발현 벡터 하류에 위치할 수 있다. 추가로, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25% 또는 20 내지 25%의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다.

[0033] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 추가로, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 프로모터, 예컨대 비제한적으로 CMV, U6, H1, CBA 또는 SV40 또는 인간 베타글로빈 인트론을 가진 CBA 프로모터의 하류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지

20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25% 또는 20 내지 25%의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다.

[0034] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 scAAV에 위치할 수 있다.

[0035] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 ssAAV에 위치할 수 있다.

[0036] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터의 플립(flip) ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터의 플립 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터의 플랍(flop) ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터의 플랍 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터의 플립 ITR의 5' 말단과 플랍 ITR의 3' 말단 사이에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 플립 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이(예컨대, 플립 ITR의 5' 말단과 플랍 ITR의 3' 말단 사이, 또는 플랍 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이의 중간 지점)에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 하류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 하류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25%, 또는 20 내지 25%의 하류에 위치할 수 있다.

[0037] 모듈 또는 서열 모티프 외에, 조절성 폴리뉴클레오티드는 패신저 및 가이드 가닥의 하나 이상 또는 둘 다를 포함한다. 패신저 및 가이드 가닥은 조절성 폴리뉴클레오티드의 줄기 루프 구조의 5' 갈래 또는 3' 갈래에 배치되거나 위치할 수 있다.

[0038] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 3' 줄기 갈래는, 5' 줄기 갈래에서 패신저 가닥의 5' 말단의 상류의 13 뉴클레오티드 중 11개에 상보성을 갖는 가이드 가닥의 3' 말단의 하류의 11 뉴클레오티드를 가질 수 있다.

[0039] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 조절성 폴리뉴클레오티드의 3' 줄기 갈래의 3' 말단의 하류의 6 뉴클레오티드인 시스테인을 가질 수 있다.

[0040] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 가이드 가닥에 대한 miRNA 씨드 매치(seed match)를 포함한다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 패신저 가닥에 대한 miRNA 씨드 매치를 포함한다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 가이드 또는 패신저 가닥에 대한 씨드 매치를 전혀 포함하지 않는다.

[0041] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 가이드 가닥에 대한 현저한 전장(full-length) 비표적이 거의 없을 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 패신저 가닥에 대한 현저한 전장 비표적이 거의 없을 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 가이드 가닥 또는 패신저 가닥에 대한 현저한 전장 비표적이 거의 없을 수 있다.

[0042] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 시험관내에서 높은 활성을 가질 수 있다. 또 다른 구현예에서,

조절성 폴리뉴클레오티드는 시험관내에서 낮은 활성을 가질 수 있다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 시험관내에서 높은 가이드 가닥 활성 및 낮은 패신저 가닥 활성을 가질 수 있다.

[0043] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 시험관내에서 높은 가이드 가닥 활성 및 낮은 패신저 가닥 활성을 갖는다. 가이드 가닥에 의한 표적 넉-다운(KD)은 적어도 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99%, 99.5% 또는 100%일 수 있다. 가이드 가닥에 의한 표적 넉-다운은 60 내지 65%, 60 내지 70%, 60 내지 75%, 60 내지 80%, 60 내지 85%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 99%, 60 내지 99.5%, 60 내지 100%, 65 내지 70%, 65 내지 75%, 65 내지 80%, 65 내지 85%, 65 내지 90%, 65 내지 95%, 65 내지 99%, 65 내지 99.5%, 65 내지 100%, 70 내지 75%, 70 내지 80%, 70 내지 85%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 99%, 70 내지 99.5%, 70 내지 100%, 75 내지 80%, 75 내지 85%, 75 내지 90%, 75 내지 95%, 75 내지 99%, 75 내지 99.5%, 75 내지 100%, 80 내지 85%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 99%, 80 내지 99.5%, 80 내지 100%, 85 내지 90%, 85 내지 95%, 85 내지 99%, 85 내지 99.5%, 85 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 99%, 90 내지 99.5%, 90 내지 100%, 95 내지 99%, 95 내지 99.5%, 95 내지 100%, 99 내지 99.5%, 99 내지 100% 또는 99.5 내지 100%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥에 의한 표적 넉-다운(KD)은 70% 초과이다.

[0044] 하나의 구현예에서, 가장 가까운 비표적에 대한 패신저 가닥의 IC50은 표적에 대한 가이드 가닥의 IC50에 100을 곱한 것보다 크다. 비제한적인 예로서, 가장 가까운 비표적에 대한 패신저 가닥의 IC50이 표적에 대한 가이드 가닥의 IC50에 100을 곱한 것보다 큰 경우, 조절성 폴리뉴클레오티드는 시험관내에서 높은 가이드 가닥 활성 및 낮은 패신저 가닥 활성을 갖는다고 일컬어진다.

[0045] 하나의 구현예에서, 시험관내 또는 생체내에서, 가이드 가닥의 5' 처리과정은 5' 말단에서 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 시간의 정확한 시작(n)을 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 처리과정은 정확하며, 시험관내에서 5' 말단에서 99% 이상의 시간의 정확한 시작(n)을 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 처리과정은 정확하며, 생체내에서 5' 말단에서 99% 이상의 시간의 정확한 시작(n)을 갖는다.

[0046] 하나의 구현예에서, 시험관내 또는 생체내에서 가이드-대-패신저(G:P) 가닥의 비는 1:10, 1:9, 1:8, 1:7, 1:6, 1:5, 1:4, 1:3, 1:2, 1;1, 2:10, 2:9, 2:8, 2:7, 2:6, 2:5, 2:4, 2:3, 2:2, 2:1, 3:10, 3:9, 3:8, 3:7, 3:6, 3:5, 3:4, 3:3, 3:2, 3:1, 4:10, 4:9, 4:8, 4:7, 4:6, 4:5, 4:4, 4:3, 4:2, 4:1, 5:10, 5:9, 5:8, 5:7, 5:6, 5:5, 5:4, 5:3, 5:2, 5:1, 6:10, 6:9, 6:8, 6:7, 6:6, 6:5, 6:4, 6:3, 6:2, 6:1, 7:10, 7:9, 7:8, 7:7, 7:6, 7:5, 7:4, 7:3, 7:2, 7:1, 8:10, 8:9, 8:8, 8:7, 8:6, 8:5, 8:4, 8:3, 8:2, 8:1, 9:10, 9:9, 9:8, 9:7, 9:6, 9:5, 9:4, 9:3, 9:2, 9:1, 10:10, 10:9, 10:8, 10:7, 10:6, 10:5, 10:4, 10:3, 10:2, 10:1, 1:99, 5:95, 10:90, 15:85, 20:80, 25:75, 30:70, 35:65, 40:60, 45:55, 50:50, 55:45, 60:40, 65:35, 70:30, 75:25, 80:20, 85:15, 90:10, 95:5 또는 99:1이다.

[0047] 가이드 대 패신저 비는 가이드 가닥의 제거(excision) 후 패신저 가닥에 대한 가이드 가닥의 비를 지칭한다. 예컨대, 80:20 가이드 대 패신저 비는 전구체에서 잘라낸 2 패신저 가닥마다 8 가이드 가닥을 갖는다. 비제한적인 예로서, 시험관내에서 가이드-대-패신저 가닥의 비는 8:2이다. 비제한적인 예로서, 생체내에서 가이드-대-패신저 가닥의 비는 8:2이다. 비제한적인 예로서, 시험관내에서 가이드-대-패신저 가닥의 비는 9:1이다. 비제한적인 예로서, 생체내에서 가이드-대-패신저 가닥의 비는 9:1이다.

[0048] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 1 초과이다.

[0049] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 2 초과이다.

[0050] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 5 초과이다.

[0051] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 10 초과이다.

[0052] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 20 초과이다.

[0053] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 50 초과이다.

[0054] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 3:1이다.

[0055] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 5:1이다.

[0056] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 10:1이

다.

[0057] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 20:1이다.

[0058] 하나의 구현예에서, 발현된 가이드 대 패신저(G:P)(안티센스 대 센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 50:1이다.

[0059] 하나의 구현예에서, 시험관내 또는 생체내에서 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 1:10, 1:9, 1:8, 1:7, 1:6, 1:5, 1:4, 1:3, 1:2, 1;1, 2:10, 2:9, 2:8, 2:7, 2:6, 2:5, 2:4, 2:3, 2:2, 2:1, 3:10, 3:9, 3:8, 3:7, 3:6, 3:5, 3:4, 3:3, 3:2, 3:1, 4:10, 4:9, 4:8, 4:7, 4:6, 4:5, 4:4, 4:3, 4:2, 4:1, 5:10, 5:9, 5:8, 5:7, 5:6, 5:5, 5:4, 5:3, 5:2, 5:1, 6:10, 6:9, 6:8, 6:7, 6:6, 6:5, 6:4, 6:3, 6:2, 6:1, 7:10, 7:9, 7:8, 7:7, 7:6, 7:5, 7:4, 7:3, 7:2, 7:1, 8:10, 8:9, 8:8, 8:7, 8:6, 8:5, 8:4, 8:3, 8:2, 8:1, 9:10, 9:9, 9:8, 9:7, 9:6, 9:5, 9:4, 9:3, 9:2, 9:1, 10:10, 10:9, 10:8, 10:7, 10:6, 10:5, 10:4, 10:3, 10:2, 10:1, 1:99, 5:95, 10:90, 15:85, 20:80, 25:75, 30:70, 35:65, 40:60, 45:55, 50:50, 55:45, 60:40, 65:35, 70:30, 75:25, 80:20, 85:15, 90:10, 95:5, 또는 99:1이다. 패신저 대 가이드 비는 가이드 가닥의 제거 후 가이드 가닥에 대한 패신저 가닥의 비를 지칭한다. 예컨대, 80:20 패신저 대 가이드 비는 전구체에서 잘라낸 2 가이드 가닥마다 8 패신저 가닥을 갖는다. 비제한적인 예로서, 시험관내에서 패신저-대-가이드 가닥의 비는 80:20이다. 비제한적인 예로서, 생체내에서 패신저-대-가이드 가닥의 비는 80:20이다. 비제한적인 예로서, 시험관내에서 패신저-대-가이드 가닥의 비는 8:2이다. 비제한적인 예로서, 생체내에서 패신저-대-가이드 가닥의 비는 8:2이다. 비제한적인 예로서, 시험관내에서 패신저-대-가이드 가닥의 비는 9:1이다. 비제한적인 예로서, 생체내에서 패신저-대-가이드 가닥의 비는 9:1이다.

[0060] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 1 초과이다.

[0061] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 2 초과이다.

[0062] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 5 초과이다.

[0063] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 10 초과이다.

[0064] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 20 초과이다.

[0065] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 50 초과이다.

[0066] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 3:1이다.

[0067] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 5:1이다.

[0068] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 10:1이다.

[0069] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 20:1이다.

[0070] 하나의 구현예에서, 발현된 패신저 대 가이드(P:G)(센스 대 안티센스로도 일컬어짐) 가닥의 비는 적어도 50:1이다.

[0071] 하나의 구현예에서, 그러나 당업계에 공지된 방법 및 본원에 기술된 방법에서, 처리를 측정하였을 때 pri- 또는 pre-마이크로RNA가 2-배 초과의 가이드 대 패신저 가닥의 비를 나타내는 경우, 패신저-가이드 가닥 이중가닥(duplex)은 효과적인 것으로 고려된다. 비제한적인 예로서, pri- 또는 pre-마이크로RNA는 처리를 측정하였을 때 2-배, 3-배, 4-배, 5-배, 6-배, 7-배, 8-배, 9-배, 10-배, 11-배, 12-배, 13-배, 14-배, 15-배, 또는 2 내지 5-배, 2 내지 10-배, 2 내지 15-배, 3 내지 5-배, 3 내지 10-배, 3 내지 15-배, 4 내지 5-배, 4 내지 10-배, 4 내지 15-배, 5 내지 10-배, 5 내지 15-배, 6 내지 10-배, 6 내지 15-배, 7 내지 10-배, 7 내지 15-배, 8 내지 10-배, 8 내지 15-배, 9 내지 10-배, 9 내지 15-배, 10 내지 15-배, 11 내지 15-배, 12 내지 15-배, 13 내지 15-배, 또는 14 내지 15-배 초과의 가이드 대 패신저 가닥의 비를 나타낸다.

[0072] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈의 완전성은 작제물의 전체 길이의 적어도 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%,

95%, 99% 또는 99% 초과이다.

[0073] *표적 핵산*

[0074] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 암호화 및 비암호화 유전자를 비롯한 임의의 유전자 또는 핵산 작제물에 표적화될 수 있다. 인간 또는 영장류 단백질을 암호화하고 있는 유전자(DNA 또는 mRNA)가 표적화될 수 있다. 추가로, 비암호화 유전자, 예컨대 긴 비암호화 RNA(lncRNA)가 또한 표적화 될 수 있다.

[0075] 조절성 폴리뉴클레오티드에 의해 표적화되거나 암호화될 수 있는, 이러한 lncRNA 분자 및 이러한 lncRNA를 표적화하도록 설계된 RNAi 작제물의 예가 각각 국제특허공개 제 WO2012/018881 A2호에 교시되어 있고, 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함된다.

[0076] 하나의 구현예에서, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 당업계에 공지된 임의의 유전자를 표적화할 수 있다. 비제한적인 예로서, 유전자는 SOD1일 수 있다.

[0077] 하나의 구현예에서, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 당업계에 공지된 임의의 유전자를 표적화할 수 있다. 비제한적인 예로서, 유전자는 Htt일 수 있다.

[0078] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 인간 게놈의 임의의 유전자 또는 mRNA, 예컨대 CNS 장애와 관련된 유전자, 예컨대 비제한적으로 헌팅턴병, 근위축성 측삭 경화증(ALS) 등을 표적화하도록 설계될 수 있다.

[0079] <u>분자 지지체</u>

[0080] 일부 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 출발 분자 지지체는 공지되어 있거나 야생형의 pri- 또는 pre-마이크로RNA이다. 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 분자 지지체는 처음부터 설계된다(Cullen, *Gene Therapy* (2006) 13, 503-508, miR30 연구; Chung 등, *Nucleic Acids Research*, 2006, Vol. 34, No. 7 miR-155 연구 참조; 이들 각 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0081] 본원에 사용된 "분자 지지체"는 후속 분자를 설계 또는 제조하기 위해 서열 또는 구조적 기초를 형성하는 뼈대(framework) 또는 출발 분자이다.

[0082] 도 1에 나타낸 바와 같이, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 도시된 바와 같이 pri-miR로서 설계될 수 있다. 도면에 pri-miR 분자 지지체가 도시되어 있다. 탑재물(예컨대, siRNA, miRNA 또는 본원에 기술된 다른 RNAi 제제)을 포함하는 조절성 폴리뉴클레오티드는 임의의 길이일 수 있고, 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전체 또는 부분적으로 유도될 수 있거나 완전히 인공적인 선도 5' 측부 서열을 포함한다.

[0083] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5' 측부 영역을 포함한다. 비제한적인 예로서, 5' 측부 영역은 임의의 길이일 수 있고 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전체 또는 부분적으로 유도될 수 있거나 완전히 인공 서열일 수 있는 5' 측부 서열을 포함할 수 있다.

[0085] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 3' 측부 영역을 포함한다. 비제한적인 예로서, 3' 측부 영역은 임의의 길이일 수 있고 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전체 또는 부분적으로 유도될 수 있거나 완전히 인공 서열일 수 있는 3' 측부 서열을 포함할 수 있다.

[0086] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 루프 모티프 영역을 포함한다. 비제한적인 예로서, 루프 모티프 영역은 임의의 길이일 수 있는 서열을 포함할 수 있다.

[0087] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 5' 측부 영역, 루프 모티프 영역 및/또는 3' 측부 영역을 포함한다.

[0088] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 탑재물(예컨대, siRNA, miRNA 또는 본원에 기술된 다른 RNAi 제제)는, 적어도 하나의 분자 지지체를 또한 포함할 수 있는 조절성 폴리뉴클레오티드에 의해 암호화될 수 있다. 분자 지지체는, 임의의 길이일 수 있고 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전체 또는 부분적으로 유도될 수 있거나 완전히 인공일 수 있는 5' 측부 서열 및/또는 3' 측부 서열을 포함할 수 있다. 3' 측부 서열은 크기 및 기원에서 5' 측부 서열을 반영할 수 있다. 측부 서열은 없을 수 있다. 3' 측부 서열은 선택적으로 하나 이상의 CNNC 모티프를 함유할 수 있으며, 이때, "N"은 임의의 뉴클레오티드를 나타낸다.

[0089] 도시된 줄기 루프 구조의 줄기를 형성하는 것은 하나 이상의 탑재물 서열을 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드의 최소이다. 일부 구현예에서, 탑재물 서열은 표적 서열과 부분적으로 상보적이거나 혼성화될 하나 이상의 핵산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, 탑재물은 야생형 마이크로RNA이다. 일부 구현예에서, 탑재물은 siRNA

분자이거나 siRNA 분자의 단편이다. 일부 구현예에서, 탑재물은 하나 이상의 마이크로RNA, 인공 마이크로RNA 또는 siRNA를 포함할 수 있는 실질적으로 이중 가닥의 작제물이다.

[0090] 일부 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 줄기 루프의 5' 갈래는 패신저 가닥을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 이러한 가닥은 표적과의 동일성을 반영한다는 점에서 센스 가닥으로도 알려져 있다. 패신저 가닥은 길이가 15 내지 30 뉴클레오티드일 수 있다. 이는 길이가 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29 또는 30 뉴클레오티드일 수 있다.

[0091] 일부 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 줄기 루프의 3' 갈래는 가이드 가닥을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 이러한 가닥은 표적과의 상동성을 반영한다는 점에서 안티센스 가닥으로도 알려져 있다. 가이드 가닥은 길이가 15 내지 30 뉴클레오티드, 길이가 21 내지 25 뉴클레오티드 또는 22 뉴클레오티드일 수 있다. 이는 길이가 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29 또는 30 뉴클레오티드일 수 있다. 가이드 가닥은 일부 경우에 5' 가장 말단에 "G" 뉴클레오티드를 포함한다.

[0092] 일부 구현예에서, 가이드 가닥이 마이크로RNA 또는 인공 마이크로RNA를 포함하는 경우, 가이드 가닥은 하나 이상의 마이크로RNA 씨드 서열을 포함할 수 있다. 씨드 서열은 가이드 가닥의 처음 5' 뉴클레오티드에 대하여, 또는 다이서(dicer) 절단 부위에 대하여 가이드 가닥의 2 내지 7번 위치, 2 내지 8번 위치 또는 2 내지 9번 위치에 위치할 수 있다.

[0093] 다른 구현예에서, 패신저 가닥은 3' 갈래에 존해할 수 있는 반면, 가이드 가닥은 조절성 폴리뉴클레오티드의 줄기 루프 구조의 줄기의 5' 갈래에 존재할 수 있다.

[0094] 패신저 및 가이드 가닥은 이들 길이의 상당한 부분에 걸쳐 완전히 상보적일 수 있다. 다른 구현예에서, 패신저 가닥 및 가이드 가닥은 가닥의 길이의 50, 60, 70, 80, 85, 90, 95 또는 99 % 이상에 걸쳐 독립적으로 70, 80, 90, 95 또는 99% 이상 상보적일 수 있다.

[0095] 패신저 가닥의 동일성도 가이드 가닥의 상보성도 표적 서열에 대해 100% 상보적일 필요는 없다.

[0096] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 줄기 루프 구조의 패신저와 가이드 가닥을 분리시키는 것은 루프 서열이다(루프 모티프 링커 또는 링커 모티프로도 알려져 있음). 루프 서열은 길이가 4 내지 30 뉴클레오티드, 4 내지 20 뉴클레오티드, 4 내지 15 뉴클레오티드, 5 내지 15 뉴클레오티드, 6 내지 12 뉴클레오티드, 6 뉴클레오티드, 7 뉴클레오티드, 8 뉴클레오티드, 9 뉴클레오티드, 10 뉴클레오티드, 11 뉴클레오티드, 12 뉴클레오티드, 13 뉴클레오티드, 14 뉴클레오티드, 및/또는 15 뉴클레오티드 중 임의의 길이일 수 있다.

[0097] 일부 구현예에서, 루프 서열은 하나 이상의 UGUG 모티프를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, UGUG 모티프를 암호화하는 핵산 서열은 루프 서열의 5' 말단에 위치한다.

[0098] 하나의 구현예에서, 스페이서 영역은 조절성 폴리뉴클레오티드에 위치하여 하나 이상의 모듈(예를 들면, 5' 측부 영역, 루프 모티프 영역, 3' 측부 영역, 센스 서열, 안티센스 서열)를 서로 분리시킬 수 있다. 하나 이상의 이러한 스페이서 영역이 존재할 수 있다.

[0099] 하나의 구현예에서, 8 내지 20, 즉, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 또는 20 뉴클레오티드의 스페이서 영역은 패신저 가닥과 측부 영역 서열 사이에 존재할 수 있다.

[0100] 하나의 구현예에서, 스페이서 영역의 길이는 13 뉴클레오티드이고 패신저 가닥의 5' 말단과 측부 서열의 3' 말단 사이에 위치한다. 하나의 구현예에서, 스페이서는 서열의 대략 하나의 나선형 턴(helical turn)을 형성하기에 충분한 길이이다.

[0101] 하나의 구현예에서, 8 내지 20, 즉, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 뉴클레오티드의 스페이서 영역은 가이드 가닥과 측부 서열 사이에 위치할 수 있다.

[0102] 하나의 구현예에서, 스페이서 서열은 10 내지 13, 즉, 10, 11, 12 또는 13 뉴클레오티드이고, 가이드 가닥의 3' 말단과 측부 서열의 5' 말단 사이에 위치한다. 하나의 구현예에서, 스페이서는 서열의 대략 하나의 나선형 턴을 형성하기에 충분한 길이이다.

[0103] 하나의 구현예에서, 조절성 포리뉴클레오티드는 줄기의 염기에 하나 이상의 UG 모티프를 포함하며, 이에따라 G 뉴클레오티드는 쌍을 이루고, U 뉴클레오티드는 쌍을 이루지 않는다. 일부 구현예에서, 쌍을 이루지 않은 U 뉴클레오티드는 측부 서열에 위치한다.

[0104] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 5'에서 3' 방향으로, 5' 측부 서열, 5' 갈래, 루프 모티프, 3' 갈래 및 3' 측부 서열을 포함한다. 비제한적인 예로서, 5' 갈래는 패신저 가닥을 포함할 수 있고, 3' 갈래는 가이드 가닥을 포함한다. 또 다른 비제한적인 예에서, 5' 갈래는 가이드 가닥을 포함하고, 3' 갈래는 패신저 가닥을 포함한다.

[0105] 하나의 구현예에서, 5' 갈래, 탑재물(예컨대, 패신저 및/또는 가이드 가닥), 루프, 모티프 및/또는 3' 갈래 서열은 변경될 수 있다(예컨대, 하나 이상의 뉴클레오티드 치환, 뉴클레오티드 부가 및/또는 뉴클레오티드 결실). 변경은 작제물의 기능에 있어 유익한 변화를 야기할 수 있다(예컨대, 표적 서열의 넉-다운 증가, 작제물 분해 감소, 비표적 효과 감소, 탑재물의 효율 증가, 및 탑재물 분해 감소).

[0106] 하나의 구현예에서, 패신저 가닥 서열은 변경될 수 있다(예컨대, 하나 이상의 뉴클레오티드의 치환, 뉴클레오티드 부가 및/또는 뉴클레오티드 결실). 비제한적인 예로서, 패신저 가닥 서열은 서열의 마지막 4 뉴클레오티드 이내에 1 또는 2개의 치환을 포함할 수 있다(예컨대, G가 C로 치환됨). 또 다른 비제한적인 예로서, 패신저 가닥 서열은 서열의 5' 말단으로부터 7 내지 15 뉴클레오티드 이내에 1 또는 2개의 치환을 포함할 수 있다(예컨대, A가 U로 치환됨, 또는 G가 C로 치환됨).

[0107] 하나의 구현예에서, 3' 갈래 가닥 서열은 변경될 수 있다(예컨대, 하나 이상의 뉴클레오티드의 치환, 뉴클레오티드 부가 및/또는 뉴클레오티드 결실). 비제한적인 예로서, 3' 갈래 서열은 서열의 처음 4 뉴클레오티드 이내에 1 또는 2개의 치환을 포함할 수 있다(예컨대, U가 A로 치환됨).

[0108] 하나의 구현예에서 탑재형 작제물의 분자 지지체는 5' 측부 영역, 루프 모티프 및 3' 측부 영역을 포함할 수 있다. 5' 측부 영역과 루프 모티프 사이는 제1탑재물 영역일 수 있고, 루프 모티프와 3' 측부 영역 사이는 제2탑재물 영역일 수 있다. 제1 및 제2탑재물 영역은 siRNA, miRNA 또는 본원에 기술된 다른 RNAi 제제, 단편 또는 변이체를 포함할 수 있다. 제1 및 제2탑재물 영역은 또한 서로 동일하거나 다르거나 상보적인 서열을 포함할 수 있다. 비제한적 예로서, 제1탑재물 영역 서열은 siRNA 작제물의 패신저 가닥일 수 있고, 제2탑재물 영역 서열은 siRNA 작제물의 가이드 가닥일 수 있다. 패신저 및 가이드 서열은 서로 실질적으로 상보적일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 제1탑재물 영역 서열은 siRNA 작제물의 가이드 가닥일 수 있고, 제2탑재물 영역 서열은 siRNA 작제물의 패신저 가닥일 수 있다. 패신저 및 가이드 서열은 서로 실질적으로 상보적일 수 있다.

[0109] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드의 분자 지지체는 5' 측부 영역, 루프 모티프 영역 및 3' 측부 영역을 포함할 수 있다. 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드에 의해 암호화될 수 있는 5' 측부 영역, 루프 모티프 영역 및 3' 측부 영역에 대한 서열의 비제한적인 예가 표 1 내지 표 3에 나타나있다.

표 1

분자 지지체의 5' 측부 영역

5' 측부 영역 명칭	5' 측부 영역 서열	5' 측부 영역 서열번호
5F1	UUUAUGCCUCAUCCUCUGAGUGCUGAAGGCUUGCUGUAGGCUGUAUGCUG	1
5F2	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCUUCGGAA	2
5F3	GAAGCAAAGAAGGGGCAGAGGGAGCCCGUGAGCUGAGUGGGCCAGGGACUGGGAGAAGGAGUGAGGAGGCAGGGCCGGCAUGCCUCUGCUGCUGGCCAGA	3
5F4	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCUUCGGGA	4
5F5	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCACGGAA	5
5F6	GGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCACGGAA	6
5F7	CUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCACGGAA	7
5F8	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCACGGAAG	8
5F9	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCUCGGAA	9

[0110]

표 2

분자 지지체의 루프 모티프 영역

[0111]

루프 모티프 영역 명칭	루프 모티프 영역 서열	루프 모티프 영역 서열번호
L1	UGUGACCUGG	10
L2	UGUGAUUUGG	11
L3	UAUAAUUUGG	12
L4	CCUGACCCAGU	13
L5	GUCUGCACCUGUCACUAG	14
L6	GUGACCCAAG	15
L7	GUGGCCACUGAGAAG	16
L8	GUGACCCAAU	17
L9	GUGACCCAAC	18
L10	GUGGCCACUGAGAAA	19

표 3

분자 지지체의 3′ 측부 영역

[0112]

3′ 측부 영역 명칭	3′ 측부 영역 서열	3′ 측부 영역 서열번호
3F1	AGUGUAUGAUGCCUGUUACUAGCAUUCACAUGGAACAAAUUGCUGCCGUG	20
3F2	CUGAGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGAGGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	21
3F3	CUGUGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGAGGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	22
3F4	UGGCCGUGUAGUGCUACCCAGCGCUGGCUGCCUCCUCAGCAUUGCAAUUCCUCUCCCAUCUGGGCACCAGUCAGCUACCCUGGUGGGAAUCUGGGUAGCC	23
3F5	GGCCGUGUAGUGCUACCCAGCGCUGGCUGCCUCCUCAGCAUUGCAAUUCCUCUCCCAUCUGGGCACCAGUCAGCUACCCUGGUGGGAAUCUGGGUAGCC	24
3F6	UCCUGAGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGAGGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	25
3F7	CUGAGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGAGGGCC	26
3F8	CUGCGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGAGGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	27

[0113] 표 1 내지 표 3(여기서, U는 T이다)에 기술된 임의의 영역이 본원에 기술된 분자 지지체에 모듈로서 사용될 수 있다.

[0114] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 표 1에 나열된 하나 이상의 5' 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 5' 측부 영역은 5F1, 5F2, 5F3, 5F4, 5F5, 5F6, 5F7, 5F8 또는 5F9일 수 있다.

[0115] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F1 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0116] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F2 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0117] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F3 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0118] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F4 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0119] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F5 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0120] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F6 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0121] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F7 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0122] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F8 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0123] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 5F9 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0124] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 표 2에 나열된 하나 이상의 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 루프 모티프 영역은 L1, L2, L3, L4, L5, L6, L7, L8, L9 또는 L10을 포함할 수 있다.

[0125] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0126] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0127] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0128] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0129] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0130] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0131] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0132] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0133] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0134] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0135] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 표3에 나열된 하나 이상의 3' 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 3' 측부 영역 3F1, 3F2, 3F3, 3F4, 3F5, 3F6, 3F7 또는 3F8을 포함할 수 있다.

[0136] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F1 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0137] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F2 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0138] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F3 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0139] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F4 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0140] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F5 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0141] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F6 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0142] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F7 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0143] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 하나 이상의 3F8 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0144] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 표 1 및 표 2에 기술된 하나 이상의 5' 측부 영역 및 하나 이상의 루프 모티프 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 5' 측부 영역 및 루프 모티프 영역은 5F1 및 L1, 5F1 및 L2, 5F1 및 L3, 5F1 및 L4, 5F1 및 L5, 5F1 및 L6, 5F1 및 L7, 5F1 및 L8, 5F1 및 L9, 5F1 및 L10, 5F1 및 L11, 5F2 및 L1, 5F2 및 L2, 5F2 및 L3, 5F2 및 L4, 5F2 및 L5, 5F2 및 L6, 5F2 및 L7, 5F2 및 L8, 5F2 및 L9, 5F2 및 L10, 5F2 및 L11, 5F3 및 L1, 5F3 및 L2, 5F3 및 L3, 5F3 및 L4, 5F3 및 L5, 5F3 및 L6, 5F3 및 L7, 5F3 및 L8, 5F3 및 L9, 5F3 및 L10, 5F3 및 L11, 5F4 및 L1, 5F4 및 L2, 5F4 및 L3, 5F4 및 L4, 5F4 및 L5, 5F4 및 L6, 5F4 및 L7, 5F4 및 L8, 5F4 및 L9, 5F4 및 L10, 5F4 및 L11, 5F5 및 L1, 5F5 및 L2, 5F5 및 L3, 5F5 및 L4, 5F5 및 L5, 5F5 및 L6, 5F5 및 L7, 5F5 및 L8, 5F5 및 L9, 5F5 및 L10, 5F5 및 L11, 5F6 및 L1, 5F6 및 L2, 5F6 및 L3, 5F6 및 L4, 5F6 및 L5, 5F6 및 L6, 5F6 및 L7, 5F6 및 L8, 5F6 및 L9, 5F6 및 L10, 5F6 및 L11, 5F7 및 L1, 5F7 및 L2, 5F7 및 L3, 5F7 및 L4, 5F7 및 L5, 5F7 및 L6, 5F7 및 L7, 5F7 및 L8, 5F7 및 L9, 5F7 및 L10, 5F7 및 L11, 5F8 및 L1, 5F8 및 L2, 5F8 및 L3, 5F8 및 L4, 5F8 및 L5, 5F8 및 L6, 5F8 및 L7, 5F8 및 L8, 5F8 및 L9, 5F8 및 L10, 5F8 및 L11, 5F9 및 L1, 5F9 및 L2, 5F9 및 L3, 5F9 및 L4, 5F9 및 L5, 5F9 및 L6, 5F9 및 L7, 5F9 및 L8, 5F9 및 L9, 5F9 및 L10, 또는 5F9 및 L11일 수 있다.

[0145] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 표 2 및 표 3에 기술된 하나 이상의 3' 측부 영역 및 하나 이상의 루프 모티프 영역을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 3F1 및 L1, 3F1 및 L2, 3F1 및 L3, 3F1 및 L4, 3F1 및 L5, 3F1 및 L6, 3F1 및 L7, 3F1 및 L8, 3F1 및 L9, 3F1 및 L10, 3F1 및 L11, 3F2 및 L1, 3F2 및 L2, 3F2 및 L3, 3F2 및 L4, 3F2 및 L5, 3F2 및 L6, 3F2 및 L7, 3F2 및 L8, 3F2 및 L9, 3F2 및 L10, 3F2 및 L11, 3F3 및 L1, 3F3 및 L2, 3F3 및 L3, 3F3 및 L4, 3F3 및 L5, 3F3 및 L6, 3F3 및 L7, 3F3 및 L8, 3F3 및 L9, 3F3 및 L10, 3F3 및 L11, 3F4 및 L1, 3F4 및 L2, 3F4 및 L3, 3F4 및 L4, 3F4 및 L5, 3F4 및 L6, 3F4 및 L7, 3F4 및 L8, 3F4 및 L9, 3F4 및 L10, 3F4 및 L11, 3F5 및 L1, 3F5 및 L2, 3F5 및 L3, 3F5 및 L4, 3F5 및 L5, 3F5 및 L6, 3F5 및 L7, 3F5 및 L8, 3F5 및 L9, 3F5 및 L10, 3F5 및 L11, 3F6 및 L1, 3F6 및 L2, 3F6 및 L3, 3F6 및 L4, 3F6 및 L5, 3F6 및 L6, 3F6 및 L7, 3F6 및 L8, 3F6 및 L9, 3F6 및 L10, 3F6 및 L11, 3F7 및 L1, 3F7 및 L2, 3F7 및 L3, 3F7 및 L4, 3F7 및 L5, 3F7 및 L6, 3F7 및 L7, 3F7 및 L8, 3F7 및 L9, 3F7 및 L10, 3F7 및 L11, 3F8 및 L1, 3F8 및 L2, 3F8 및 L3, 3F8 및 L4, 3F8 및 L5, 3F8 및 L6, 3F8 및 L7, 3F8 및 L8, 3F8 및 L9, 3F8 및 L10, 또는 3F8 및 L11를 포함할 수 있다.

[0146] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0147] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0148] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0149] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0150] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0151] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0152] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0153] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0154] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0155] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0156] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0157] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0158] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0159] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0160] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0161] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0162] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0163] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0164] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0165] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0166] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0167] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0168] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0169] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0170] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0171] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0172] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0173] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0174] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0175] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0176] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0177] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0178] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0179] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0180] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0181] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0182] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0183] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0184] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0185] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0186] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0187] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0188] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0189] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0190] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0191] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0192] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0193] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0194] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0195] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0196] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0197] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0198] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0199] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0200] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0201] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0202] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0203] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0204] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0205] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0206] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0207] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0208] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0209] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0210] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0211] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0212] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0213] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0214] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0215] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0216] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0217] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0218] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0219] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0220] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0221] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0222] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0223] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0224] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0225] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0226] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0227] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0228] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0229] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0230] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0231] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0232] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0233] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0234] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0235] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0236] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0237] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0238] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0239] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0240] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0241] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0242] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L9 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0243] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L10 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0244] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L11 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0245] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 표 1 및 표 3에 기술된 하나 이상의 5' 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열 및 하나 이상의 3' 측부 영역을 암호화하는 하나 이상의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 5F1 및 3F1, 5F1 및 3F2, 5F1 및 3F3, 5F1 및 3F4, 5F1 및 3F5, 5F1 및 3F6, 5F1 및 3F7, 5F1 및 3F8, 5F2 및 3F1, 5F2 및 3F2, 5F2 및 3F3, 5F2 및 3F4, 5F2 및 3F5, 5F2 및 3F6, 5F2 및 3F7, 5F2 및 3F8, 5F3 및 3F1, 5F3 및 3F2, 5F3 및 3F3, 5F3 및 3F4, 5F3 및 3F5, 5F3 및 3F6, 5F3 및 3F7, 5F3 및 3F8, 5F4 및 3F1, 5F4 및 3F2, 5F4 및 3F3, 5F4 및 3F4, 5F4 및 3F5, 5F4 및 3F6, 5F4 및 3F7, 5F4 및 3F8, 5F5 및 3F1, 5F5 및 3F2, 5F5 및 3F3, 5F5 및 3F4, 5F5 및 3F5, 5F5 및 3F6, 5F5 및 3F7, 5F5 및 3F8, 5F6 및 3F1, 5F6 및 3F2, 5F6 및 3F3, 5F6 및 3F4, 5F6 및 3F5, 5F6 및 3F6, 5F6 및 3F7, 5F6 및 3F8, 5F7 및 3F1, 5F7 및 3F2, 5F7 및 3F3, 5F7 및 3F4, 5F7 및 3F5, 5F7 및 3F6, 5F7 및 3F7, 5F7 및 3F8, 5F8 및 3F1, 5F8 및 3F2, 5F8 및 3F3, 5F8 및 3F4, 5F8 및 3F5, 5F8 및 3F6, 5F8 및 3F7, 5F8 및 3F8, 5F9 및 3F1, 5F9 및 3F2, 5F9 및 3F3, 5F9 및 3F4, 5F9 및 3F5, 5F9 및 3F6, 5F9 및 3F7, 또는 5F9 및 3F8을 포함할 수 있다.

[0246] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0247] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0248] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0249] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0250] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0251] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0252] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0253] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0254] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0255] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0256] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0257] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0258] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0259] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0260] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0261] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0262] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0263] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0264] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0265] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0266] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0267] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0268] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0269] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0270] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0271] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0272] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0273] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0274] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0275] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0276] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0277] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0278] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0279] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0280] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0281] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0282] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0283] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0284] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0285] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0286] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0287] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0288] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0289] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0290] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0291] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0292] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0293] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0294] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0295] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0296] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0297] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0298] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0299] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0300] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0301] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0302] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0303] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0304] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0305] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0306] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0307] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0308] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0309] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0310] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0311] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0312] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0313] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0314] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0315] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0316] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0317] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0318] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5' 측부 영역, 적어도 하나의 루프 모티프 영역 및 적어도 하나의 3' 측부 영역을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 5F1, L1 및 3F1; 5F1, L1 및 3F2; 5F1, L1 및 3F3; 5F1, L1 및 3F4; 5F1, L1 및 3F5; 5F1, L1 및 3F6; 5F1, L1 및 3F7; 5F1, L1 및 3F8; 5F2, L1 및 3F1; 5F2, L1 및 3F2; 5F2, L1 및 3F3; 5F2, L1 및 3F4; 5F2, L1 및 3F5; 5F2, L1 및 3F6; 5F2, L1 및 3F7; 5F2, L1 및 3F8; 5F3, L1 및 3F1; 5F3, L1 및 3F2; 5F3, L1 및 3F3; 5F3, L1 및 3F4; 5F3, L1 및 3F5; 5F3, L1 및 3F6; 5F3, L1 및 3F7; 5F3, L1 및 3F8; 5F4, L1 및 3F1; 5F4, L1 및 3F2; 5F4, L1 및 3F3; 5F4, L1 및 3F4; 5F4, L1 및 3F5; 5F4, L1 및 3F6; 5F4, L1 및 3F7; 5F4, L1 및 3F8; 5F5, L1 및 3F1; 5F5, L1 및 3F2; 5F5, L1 및 3F3; 5F5, L1 및 3F4; 5F5, L1 및 3F5; 5F5, L1 및 3F6; 5F5, L1 및 3F7; 5F5, L1 및 3F8; 5F6, L1 및 3F1; 5F6, L1 및 3F2; 5F6, L1 및 3F3; 5F6, L1 및 3F4; 5F6, L1 및 3F5; 5F6, L1 및 3F6; 5F6, L1 및 3F7; 5F6, L1 및 3F8; 5F7, L1 및 3F1; 5F7, L1 및 3F2; 5F7, L1 및 3F3; 5F7, L1 및 3F4; 5F7, L1 및 3F5; 5F7, L1 및 3F6; 5F7, L1 및 3F7; 5F7, L1 및 3F8; 5F8, L1 및 3F1; 5F8, L1 및 3F2; 5F8, L1 및 3F3; 5F8, L1 및 3F4; 5F8, L1 및 3F5; 5F8, L1 및 3F6; 5F8, L1 및 3F7; 5F8, L1 및 3F8; 5F9, L1 및 3F1; 5F9, L1 및 3F2; 5F9, L1 및 3F3; 5F9, L1 및 3F4; 5F9, L1 및 3F5; 5F9, L1 및 3F6; 5F9, L1 및 3F7; 5F9, L1 및 3F8; 5F1, L2 및 3F1; 5F1, L2 및 3F2; 5F1, L2 및 3F3; 5F1, L2 및 3F4; 5F1, L2 및 3F5; 5F1, L2 및 3F6; 5F1, L2 및 3F7; 5F1, L2 및 3F8; 5F2, L2 및 3F1; 5F2, L2 및 3F2; 5F2, L2 및 3F3; 5F2, L2 및 3F4; 5F2, L2 및 3F5; 5F2, L2 및 3F6; 5F2, L2 및 3F7; 5F2, L2 및 3F8; 5F3, L2 및 3F1; 5F3, L2 및 3F2; 5F3, L2 및 3F3; 5F3, L2 및 3F4; 5F3, L2 및 3F5; 5F3, L2 및 3F6; 5F3, L2 및 3F7; 5F3, L2 및 3F8; 5F4, L2 및 3F1; 5F4, L2 및 3F2; 5F4, L2 및 3F3; 5F4, L2 및 3F4; 5F4, L2 및 3F5; 5F4, L2 및 3F6; 5F4, L2 및 3F7; 5F4, L2 및 3F8; 5F5, L2 및 3F1; 5F5, L2 및 3F2; 5F5, L2 및 3F3; 5F5, L2 및 3F4; 5F5, L2 및 3F5; 5F5, L2 및 3F6; 5F5, L2 및 3F7; 5F5, L2 및 3F8; 5F6, L2 및 3F1; 5F6, L2 및 3F2; 5F6, L2 및 3F3; 5F6, L2 및 3F4; 5F6, L2 및 3F5; 5F6, L2 및 3F6; 5F6, L2 및 3F7; 5F6, L2 및 3F8; 5F7, L2 및 3F1; 5F7, L2 및 3F2; 5F7, L2 및 3F3; 5F7, L2 및 3F4; 5F7, L2 및 3F5; 5F7, L2 및 3F6; 5F7, L2 및 3F7; 5F7, L2 및 3F8; 5F8, L2 및 3F1; 5F8, L2 및 3F2; 5F8, L2 및 3F3; 5F8, L2 및 3F4; 5F8, L2 및 3F5; 5F8, L2 및 3F6; 5F8, L2 및 3F7; 5F8, L2 및 3F8; 5F9, L2 및 3F1; 5F9, L2 및 3F2; 5F9, L2 및 3F3; 5F9, L2 및 3F4; 5F9, L2 및 3F5; 5F9, L2 및 3F6; 5F9, L2 및 3F7; 5F9, L2 및 3F8; 5F1, L3 및 3F1; 5F1, L3 및 3F2; 5F1, L3 및 3F3; 5F1, L3 및 3F4; 5F1, L3 및 3F5; 5F1, L3 및 3F6; 5F1, L3 및 3F7; 5F1, L3 및 3F8; 5F2, L3 및 3F1; 5F2, L3 및 3F2; 5F2, L3 및 3F3; 5F2, L3 및 3F4; 5F2, L3 및 3F5; 5F2, L3 및 3F6; 5F2, L3 및 3F7; 5F2, L3 및 3F8; 5F3, L3 및 3F1; 5F3, L3 및 3F2; 5F3, L3 및 3F3; 5F3, L3 및 3F4; 5F3, L3 및 3F5; 5F3, L3 및 3F6; 5F3, L3 및 3F7; 5F3, L3 및 3F8; 5F4, L3 및 3F1; 5F4, L3 및 3F2; 5F4, L3 및 3F3; 5F4, L3 및 3F4; 5F4, L3 및 3F5; 5F4, L3 및 3F6; 5F4, L3 및 3F7; 5F4, L3 및 3F8; 5F5, L3 및 3F1; 5F5, L3 및 3F2; 5F5, L3 및 3F3; 5F5, L3 및 3F4; 5F5, L3 및 3F5; 5F5, L3 및 3F6; 5F5, L3 및 3F7; 5F5, L3 및 3F8; 5F6, L3 및 3F1; 5F6, L3 및 3F2; 5F6, L3 및 3F3; 5F6, L3 및 3F4; 5F6, L3 및 3F5; 5F6, L3 및 3F6; 5F6, L3 및 3F7; 5F6, L3 및 3F8; 5F7, L3 및 3F1; 5F7, L3 및 3F2; 5F7, L3 및 3F3; 5F7, L3 및 3F4; 5F7, L3 및 3F5; 5F7, L3 및 3F6; 5F7, L3 및 3F7; 5F7, L3 및 3F8; 5F8, L3 및 3F1; 5F8, L3 및 3F2; 5F8, L3 및 3F3; 5F8, L3 및 3F4; 5F8, L3 및 3F5; 5F8, L3 및 3F6; 5F8, L3 및 3F7; 5F8, L3 및 3F8; 5F9, L3 및 3F1; 5F9, L3 및 3F2; 5F9, L3 및 3F3; 5F9, L3 및 3F4; 5F9, L3 및 3F5; 5F9, L3 및 3F6; 5F9, L3 및 3F7; 5F9, L3 및 3F8; 5F1, L4 및 3F1; 5F1, L4 및 3F2; 5F1, L4 및 3F3; 5F1, L4 및 3F4; 5F1, L4 및 3F5; 5F1, L4 및 3F6; 5F1, L4 및 3F7; 5F1, L4 및 3F8; 5F2, L4 및 3F1; 5F2, L4 및 3F2; 5F2, L4 및 3F3; 5F2, L4 및 3F4; 5F2, L4 및 3F5; 5F2, L4 및 3F6; 5F2, L4 및 3F7; 5F2, L4 및 3F8; 5F3, L4 및 3F1; 5F3, L4 및 3F2; 5F3, L4 및 3F3; 5F3, L4 및 3F4; 5F3, L4 및 3F5; 5F3, L4 및 3F6; 5F3, L4 및 3F7; 5F3, L4 및 3F8; 5F4, L4 및 3F1; 5F4, L4 및 3F2; 5F4, L4 및 3F3; 5F4, L4 및 3F4; 5F4, L4 및 3F5; 5F4, L4 및 3F6; 5F4, L4 및 3F7; 5F4, L4 및 3F8; 5F5, L4 및 3F1;

5F5, L4 및 3F2; 5F5, L4 및 3F3; 5F5, L4 및 3F4; 5F5, L4 및 3F5; 5F5, L4 및 3F6; 5F5, L4 및 3F7; 5F5, L4 및 3F8; 5F6, L4 및 3F1; 5F6, L4 및 3F2; 5F6, L4 및 3F3; 5F6, L4 및 3F4; 5F6, L4 및 3F5; 5F6, L4 및 3F6; 5F6, L4 및 3F7; 5F6, L4 및 3F8; 5F7, L4 및 3F1; 5F7, L4 및 3F2; 5F7, L4 및 3F3; 5F7, L4 및 3F4; 5F7, L4 및 3F5; 5F7, L4 및 3F6; 5F7, L4 및 3F7; 5F7, L4 및 3F8; 5F8, L4 및 3F1; 5F8, L4 및 3F2; 5F8, L4 및 3F3; 5F8, L4 및 3F4; 5F8, L4 및 3F5; 5F8, L4 및 3F6; 5F8, L4 및 3F7; 5F8, L4 및 3F8; 5F9, L4 및 3F1; 5F9, L4 및 3F2; 5F9, L4 및 3F3; 5F9, L4 및 3F4; 5F9, L4 및 3F5; 5F9, L4 및 3F6; 5F9, L4 및 3F7; 5F9, L4 및 3F8; 5F1, L5 및 3F1; 5F1, L5 및 3F2; 5F1, L5 및 3F3; 5F1, L5 및 3F4; 5F1, L5 및 3F5; 5F1, L5 및 3F6; 5F1, L5 및 3F7; 5F1, L5 및 3F8; 5F2, L5 및 3F1; 5F2, L5 및 3F2; 5F2, L5 및 3F3; 5F2, L5 및 3F4; 5F2, L5 및 3F5; 5F2, L5 및 3F6; 5F2, L5 및 3F7; 5F2, L5 및 3F8; 5F3, L5 및 3F1; 5F3, L5 및 3F2; 5F3, L5 및 3F3; 5F3, L5 및 3F4; 5F3, L5 및 3F5; 5F3, L5 및 3F6; 5F3, L5 및 3F7; 5F3, L5 및 3F8; 5F4, L5 및 3F1; 5F4, L5 및 3F2; 5F4, L5 및 3F3; 5F4, L5 및 3F4; 5F4, L5 및 3F5; 5F4, L5 및 3F6; 5F4, L5 및 3F7; 5F4, L5 및 3F8; 5F5, L5 및 3F1; 5F5, L5 및 3F2; 5F5, L5 및 3F3; 5F5, L5 및 3F4; 5F5, L5 및 3F5; 5F5, L5 및 3F6; 5F5, L5 및 3F7; 5F5, L5 및 3F8; 5F6, L5 및 3F1; 5F6, L5 및 3F2; 5F6, L5 및 3F3; 5F6, L5 및 3F4; 5F6, L5 및 3F5; 5F6, L5 및 3F6; 5F6, L5 및 3F7; 5F6, L5 및 3F8; 5F7, L5 및 3F1; 5F7, L5 및 3F2; 5F7, L5 및 3F3; 5F7, L5 및 3F4; 5F7, L5 및 3F5; 5F7, L5 및 3F6; 5F7, L5 및 3F7; 5F7, L5 및 3F8; 5F8, L5 및 3F1; 5F8, L5 및 3F2; 5F8, L5 및 3F3; 5F8, L5 및 3F4; 5F8, L5 및 3F5; 5F8, L5 및 3F6; 5F8, L5 및 3F7; 5F8, L5 및 3F8; 5F9, L5 및 3F1; 5F9, L5 및 3F2; 5F9, L5 및 3F3; 5F9, L5 및 3F4; 5F9, L5 및 3F5; 5F9, L5 및 3F6; 5F9, L5 및 3F7; 또는 5F9, L5 및 3F8을 포함할 수 있다.

[0319] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0320] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0321] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0322] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0323] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0324] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0325] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0326] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0327] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0328] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0329] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0330] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0331] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0332] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0333] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0334] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0335] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0336] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0337] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0338] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0339] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0340] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0341] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0342] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0343] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0344] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0345] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0346] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0347] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0348] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0349] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0350] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0351] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0352] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0353] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0354] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0355] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0356] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0357] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0358] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0359] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0360] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0361] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0362] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0363] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0364] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0365] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0366] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0367] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0368] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0369] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0370] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0371] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0372] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0373] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0374] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0375] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0376] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0377] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0378] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0379] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0380] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0381] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0382] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0383] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0384] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0385] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0386] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0387] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0388] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0389] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0390] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0391] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0392] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0393] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0394] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0395] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0396] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0397] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0398] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0399] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0400] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0401] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0402] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0403] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0404] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0405] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0406] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0407] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0408] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0409] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0410] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0411] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0412] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0413] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0414] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0415] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0416] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0417] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0418] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0419] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0420] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0421] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0422] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0423] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0424] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0425] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0426] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0427] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0428] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0429] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0430] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0431] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0432] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0433] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0434] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0435] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0436] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0437] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0438] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0439] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0440] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0441] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0442] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0443] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0444] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0445] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0446] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0447] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0448] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0449] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0450] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0451] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0452] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0453] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0454] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0455] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0456] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0457] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0458] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0459] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0460] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0461] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0462] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0463] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0464] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0465] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0466] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0467] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0468] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0469] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0470] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0471] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0472] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0473] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0474] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0475] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0476] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0477] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0478] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0479] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0480] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0481] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0482] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0483] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0484] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0485] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0486] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0487] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0488] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0489] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0490] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0491] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0492] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0493] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0494] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0495] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0496] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0497] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0498] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0499] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0500] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0501] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0502] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0503] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0504] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0505] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0506] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0507] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0508] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0509] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0510] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0511] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0512] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0513] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0514] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0515] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0516] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0517] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0518] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0519] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0520] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0521] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0522] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0523] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0524] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0525] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0526] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0527] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0528] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0529] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0530] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0531] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0532] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0533] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0534] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0535] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0536] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0537] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0538] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0539] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0540] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0541] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0542] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0543] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0544] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0545] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0546] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0547] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0548] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0549] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0550] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0551] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0552] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0553] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0554] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0555] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0556] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0557] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0558] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0559] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0560] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0561] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0562] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0563] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0564] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0565] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0566] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0567] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0568] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0569] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0570] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0571] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0572] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0573] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0574] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0575] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0576] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0577] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0578] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0579] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0580] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0581] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0582] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0583] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0584] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0585] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0586] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0587] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0588] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0589] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0590] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0591] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0592] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0593] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0594] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0595] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0596] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0597] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0598] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0599] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0600] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0601] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0602] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0603] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0604] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0605] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0606] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0607] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0608] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0609] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0610] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0611] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0612] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0613] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0614] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F1 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0615] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0616] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0617] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0618] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0619] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0620] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0621] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0622] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F2 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0623] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0624] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0625] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0626] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0627] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0628] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0629] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0630] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F3 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0631] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0632] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0633] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0634] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0635] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0636] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역

을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0637] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0638] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F4 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0639] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0640] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0641] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0642] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0643] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0644] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0645] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0646] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F5 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0647] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0648] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0649] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0650] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0651] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적

어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0652] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0653] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0654] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F6 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0655] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0656] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0657] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0658] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0659] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0660] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0661] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0662] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F7 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0663] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0664] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0665] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0666] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0667] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0668] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0669] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0670] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F8 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0671] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F1 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0672] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F2 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0673] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F3 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0674] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F4 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0675] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F5 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0676] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F6 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0677] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F7 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0678] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 적어도 하나의 5F9 5' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 및 적어도 하나의 3F8 3' 측부 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0679] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 당업계에 공지된 하나 이상의 연결제(linker)를 포함할 수 있다. 연결제는 영역 또는 하나 이상의 분자 지지체를 서로 분리시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 폴리시스트론성일 수 있다.

[0680] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 하나 이상의 다음의 특성을 사용하여 설계된다: 루프 변이체, 씨드 미스매치/벌지/워블 변이체, 줄기 미스매치, 루프 변이체 및 종속(vassal) 줄기 미스매치 변이체, 씨드 미스매치 및 기저 줄기 미스매치 변이체, 줄기 미스매치 및 기저 줄기 미스매치 변이체, 씨드 워블 및 기저 줄기

워블 변이체 또는 줄기 서열 변이체.

[0681] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 발현 벡터의 2개의 ITR 사이에 위치할 수 있다. 비-제한적예로서, 분자 지지체는 도 2에 나타내어지는 6개의 상이한 위치들 중 하나 이상에서 발현 벡터에 삽입될 수 있다. 도 2에서, "ITR"은 반전 말단 반복(inverted terminal repeat)이고, "I"는 인트론을 나타내고, "P"는 폴리A이고 "MP"는 조절성 폴리뉴클레오티드이다.

[0682] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 프로모터, 예컨대 비제한적으로 CMV, U6, H1, CBA 또는 SV40 또는 인간 베타 글로빈 인트론을 가진 CBA 프로모터의 하류에 위치할 수 있다. 추가로, 분자 지지체는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25%, 또는 20 내지 25%의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다.

[0683] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 추가로, 분자 지지체는 프로모터, 예컨대 비제한적으로 CMV, U6, H1, CBA 또는 SV40 또는 사람 베타글로빈 인트론을 가진 CBA 프로모터의 하류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 프로모터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25%, 또는 20 내지 25%의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다.

[0684] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 scAAV에 위치할 수 있다.

[0685] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 ssAAV에 위치할 수 있다.

[0686] 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 플립 ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 분자 지지체는 플립 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 분자 지지체는 플랍 ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 분자 지지체는 플랍 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 플립 ITR의 5' 말단과 플랍 ITR의 3' 말단 사이에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 분자 지지체는 플립 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이(예컨대, 플립 ITR의 5' 말단과 플랍 ITR의 3' 말단 사이 또는 플랍 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이의 중간 지점)에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 하류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5

내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 하류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 이내의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 분자 지지체는 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25% 또는 20 내지 25% 하류에 위치할 수 있다.

[0687] 벡터

[0688] 일부 구현예에서, 본원에 기술된 siRNA 분자는 플라스미드 또는 바이러스 벡터와 같은 벡터에 의해 암호화될 수 있다. 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 바이러스 벡터에 의해 암호화된다. 바이러스 벡터는, 비제한적으로, 헤르페스바이러스(HSV) 벡터, 레트로바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-관련 바이러스 벡터, 렌티바이러스 벡터 등일 수 있다. 일부 구체적 구현예에서, 바이러스 벡터는 AAV 벡터이다.

[0689] *레트로바이러스 벡터*

[0690] 일부 구현예에서, SOD1 또는 HTT를 표적화하는 siRNA 이중가닥은 레트로바이러스 벡터에 의해 암호화될 수 있다(예컨대, 미국특허 제5,399,346호; 제5,124,263호; 제4,650,764호 및 제4,980,289호 참조; 이의 각 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0691] *아데노바이러스 벡터*

[0692] 아데노바이러스는, 생체내에서 핵산을 다양한 세포 유형으로 효율적으로 전달하도록 변형될 수 있는 진핵세포 DNA 바이러스이며, 유전자를 신경 세포에 표적화하는 것을 포함하여, 유전자 치료 프로토콜에서 광범위하게 사용되고 있다. 다양한 복제 결함 아데노바이러스 및 최소 아데노바이러스 벡터가 핵산 치료제로 기술되어 왔다(예컨대, PCT 공개특허 제WO199426914호, 제WO 199502697호, 제WO199428152호, 제WO199412649호, 제WO199502697호 및 제WO199622378호 참조; 이의 각 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨). 이러한 아데노바이러스 벡터는 또한 본 발명의 siRNA 분자를 세포로 전달하는데에 사용될 수 있다.

[0693] *아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터*

[0694] 아데노-관련 바이러스(AAV)는 (다른 파보바이러스와 마찬가지로) 의존성 파보바이러스이고, 약 5000개 길이의 뉴클레오티드인 게놈을 갖는 단일 가닥의 비-외피 DNA 바이러스이고, 복제(Rep) 담당 단백질 및 캡시드(Cap)의 구조적 단백질을 암호화하는 2개의 개방형 해독 틀을 함유한다. 개방형 해독 틀은 바이러스 게놈의 복제 기점으로 작용하는 2개의 역위 말단 반복(ITR) 서열의 측부에 위치한다(flanked). 추가로, AAV 게놈은 포장(packaging) 서열을 함유하여 바이러스 게놈을 AAV 캡시드 내로 포장할 수 있다. AAV 벡터는 감염된 세포에서 생산적인 감염을 겪기 위해 보조-헬퍼(co-helper)(예컨대, 아데노바이러스)를 필요로 한다. 이와 같은 헬퍼 기능의 부재시, AAV 비리온은 본질적으로 숙주 세포에 들어가지만 세포의 게놈에 통합되지 않는다.

[0695] AAV 벡터는 일부 독특한 특징에 기인하여 siRNA 전달에 대해 조사되어 왔다. 비제한적인 특징의 예는, (i) 분열 및 비-분열 세포 둘 다를 감염시키는 능력; (ii) 인간 세포를 비롯하여 감염성에 대한 광범위한 숙주 범위; (iii) 야생형 AAV는 임의의 질환과 관련되어 있지 않고, 감염된 세포에서 복제되지 않는 것으로 나타남; (iv) 벡터에 대한 세포-매개된 면역 반응 결여; 및 (v) 숙주 염색체에서의 비-통합적인 성질로 인해 장기적인 유전적 변경의 가능성 감소를 포함한다. 또한, AAV 벡터에 의한 감염은 세포 유전자 발현의 패턴 변화에 최소한의 영향을 미친다 (Stilwell and Samulski et al., *Biotechniques*, 2003, 34, 148).

[0696] 전형적으로, siRNA 전달을 위한 AAV 벡터는 바이러스 게놈내에서 기능적인 Rep 및 Cap 단백질을 암호화하는 서열이 결여된 복제 결함인 재조합 바이러스 벡터일 수 있다. 일부 경우에서, 결함있는 AAV 벡터는 대부분 또는 모든 암호화 서열이 결여되어 있을 수 있으며, 본질적으로 단지 하나 또는 2개의 AAV ITR 서열 및 포장 서열만을 함유한다.

[0697] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 포유류 세포 내로 도

입될 수 있다.

[0698] AAV 벡터는 전달 효율을 향상시키기 위해 변형될 수 있다. 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는, 이와 같이 변형된 AAV 벡터는 효율적으로 포장될 수 있고, 고주파에서 최소의 독성으로 표적 세포를 성공적으로 감염시키는데 사용될 수 있다.

[0699] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 인간 혈청형 AAV 벡터일 수 있다. 이러한 인간 AAV 벡터는 임의의 공지된 혈청형으로부터, 예컨대 AAV1 내지 AAV11 중 임의의 하나의 혈청형으로부터 유도될 수 있다. 비제한적인 예로서, AAV 벡터는 AAV1-유도된 캡시드에 AAV1-유도된 게놈을 포함하는 벡터; AAV2-유도된 캡시드에 AAV2-유도된 게놈을 포함하는 벡터; AAV4 유도된 캡시드에 AAV4-유도된 게놈을 포함하는 벡터; AAV6 유도된 캡시드에 AAV6-유도된 게놈을 포함하는 벡터 또는 AAV9 유도된 캡시드에 AAV9-유도된 게놈을 포함하는 벡터일 수 있다.

[0700] 다른 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는, 2종 이상의 상이한 AAV 혈청형으로부터 유래한 서열 및/또는 구성요소를 함유하는 위형 혼성 또는 키메라 AAV 벡터일 수 있다. 위형 AAV 벡터는 하나의 AAV 혈청형으로부터 유도된 AAV 게놈 및 적어도 부분적으로 상이한 AAV 혈청형으로부터 유도된 캡시드 단백질을 포함하는 벡터일 수 있다. 비제한적인 예로서, 이러한 위형 AAV 벡터는, AAV1-유도된 캡시드에 AAV2-유도된 게놈을 포함하는 벡터; 또는 AAV6-유도된 캡시드에 AAV2-유도된 게놈을 포함하는 벡터; 또는 AAV4-유도된 캡시드에 AAV2-유도된 게놈을 포함하는 벡터; 또는 AAV9-유도된 캡시드에 AAV2-유도된 게놈을 포함하는 벡터일 수 있다. 이와 같은 방식으로, 본 발명은 임의의 혼성형 또는 키메라 AAV 벡터를 고려한다.

[0701] 다른 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 siRNA 분자를 중추신경계에 전달하기 위해 사용될 수 있다(예컨대, 미국특허 제6,180,613호; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0702] 일부 양태에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 비-바이러스 기원의 펩티드를 포함하여 변형된 캡시드를 추가로 포함할 수 있다. 다른 양태에서, AAV 벡터는 CNS 특이적인 키메라 캡시드를 함유하여 암호화된 siRNA 이중가닥의 뇌 및 척수로의 전달을 용이하게 할 수 있다. 예컨대, 가변 영역(VR) 서열 및 구조를 확인하기 위해, CNS 향성(tropism)을 나타내는 AAV 변이체로부터 캡 뉴클레오티드 서열의 정렬을 작제할 수 있다.

[0703] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 다시스트론성(polycistronic) 분자인 siRNA 분자를 암호화할 수 있다. siRNA 분자는 siRNA 분자 영역 사이에 하나 이상의 링커(linker)를 추가로 포함할 수 있다.

[0704] *자기-상보적(self-complementary) 및 단일 가닥 벡터*

[0705] 하나의 구현예에서, 본 발명에 사용되는 AAV 벡터는 단일 가닥 벡터(ssAAV)이다.

[0706] 또 다른 구현예에서, AAV 벡터는 자기-상보적 AAV 벡터(scAAV)일 수 있다. scAAV 벡터는 함께 어닐링(anneal)되어 이중 가닥의 DNA를 형성하는 두 DNA 가닥을 함유한다. 제2 가닥 합성을 생략함으로써, scAAV는 세포에서 신속한 발현을 가능케 한다.

[0707] 하나의 구현예에서, 본 발명에 사용되는 AAV 벡터는 scAAV이다.

[0708] AAV 벡터의 제조 및/또는 변형 방법은 위형 AAV 벡터와 같이 당업계에 공개되어 있다(국제특허공개 제WO200028004호; 제WO200123001호; 제WO2004112727호; 제WO 2005005610호 및 제WO 2005072364호; 이의 각 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0709] *AAV 혈청형*

[0710] 본 발명의 AAV 입자는 임의의 자연적 또는 재조합 AAV 혈청형을 포함하거나 이로부터 유도될 수 있다. 본 발명에 따르면, AAV 입자는 다음의 AAV1, AAV2, AAV2G9, AAV3, AAV3a, AAV3b, AAV3-3, AAV4, AAV4-4, AAV5, AAV6, AAV6.1, AAV6.2, AAV6.1.2, AAV7, AAV7.2, AAV8, AAV9, AAV9.11, AAV9.13, AAV9.16, AAV9.24, AAV9.45, AAV9.47, AAV9.61, AAV9.68, AAV9.84, AAV9.9, AAV10, AAV11, AAV12, AAV16.3, AAV24.1, AAV27.3, AAV42.12, AAV42-1b, AAV42-2, AAV42-3a, AAV42-3b, AAV42-4, AAV42-5a, AAV42-5b, AAV42-6b, AAV42-8, AAV42-10, AAV42-11, AAV42-12, AAV42-13, AAV42-15, AAV42-aa, AAV43-1, AAV43-12, AAV43-20, AAV43-21, AAV43-23, AAV43-25, AAV43-5, AAV44.1, AAV44.2, AAV44.5, AAV223.1, AAV223.2, AAV223.4, AAV223.5, AAV223.6,

AAV223.7, AAV1-7/rh.48, AAV1-8/rh.49, AAV2-15/rh.62, AAV2-3/rh.61, AAV2-4/rh.50, AAV2-5/rh.51, AAV3.1/hu.6, AAV3.1/hu.9, AAV3-9/rh.52, AAV3-11/rh.53, AAV4-8/r11.64, AAV4-9/rh.54, AAV4-19/rh.55, AAV5-3/rh.57, AAV5-22/rh.58, AAV7.3/hu.7, AAV16.8/hu.10, AAV16.12/hu.11, AAV29.3/bb.1, AAV29.5/bb.2, AAV106.1/hu.37, AAV114.3/hu.40, AAV127.2/hu.41, AAV127.5/hu.42, AAV128.3/hu.44, AAV130.4/hu.48, AAV145.1/hu.53, AAV145.5/hu.54, AAV145.6/hu.55, AAV161.10/hu.60, AAV161.6/hu.61, AAV33.12/hu.17, AAV33.4/hu.15, AAV33.8/hu.16, AAV52/hu.19, AAV52.1/hu.20, AAV58.2/hu.25, AAVA3.3, AAVA3.4, AAVA3.5, AAVA3.7, AAVC1, AAVC2, AAVC5, AAV-DJ, AAV-DJ8, AAVF3, AAVF5, AAVH2, AAVrh.72, AAVhu.8, AAVrh.68, AAVrh.70, AAVpi.1, AAVpi.3, AAVpi.2, AAVrh.60, AAVrh.44, AAVrh.65, AAVrh.55, AAVrh.47, AAVrh.69, AAVrh.45, AAVrh.59, AAVhu.12, AAVH6, AAVLK03, AAVH-1/hu.1, AAVH-5/hu.3, AAVLG-10/rh.40, AAVLG-4/rh.38, AAVLG-9/hu.39, AAVN721-8/rh.43, AAVCh.5, AAVCh.5R1, AAVcy.2, AAVcy.3, AAVcy.4, AAVcy.5, AAVCy.5R1, AAVCy.5R2, AAVCy.5R3, AAVCy.5R4, AAVcy.6, AAVhu.1, AAVhu.2, AAVhu.3, AAVhu.4, AAVhu.5, AAVhu.6, AAVhu.7, AAVhu.9, AAVhu.10, AAVhu.11, AAVhu.13, AAVhu.15, AAVhu.16, AAVhu.17, AAVhu.18, AAVhu.20, AAVhu.21, AAVhu.22, AAVhu.23.2, AAVhu.24, AAVhu.25, AAVhu.27, AAVhu.28, AAVhu.29, AAVhu.29R, AAVhu.31, AAVhu.32, AAVhu.34, AAVhu.35, AAVhu.37, AAVhu.39, AAVhu.40, AAVhu.41, AAVhu.42, AAVhu.43, AAVhu.44, AAVhu.44R1, AAVhu.44R2, AAVhu.44R3, AAVhu.45, AAVhu.46, AAVhu.47, AAVhu.48, AAVhu.48R1, AAVhu.48R2, AAVhu.48R3, AAVhu.49, AAVhu.51, AAVhu.52, AAVhu.54, AAVhu.55, AAVhu.56, AAVhu.57, AAVhu.58, AAVhu.60, AAVhu.61, AAVhu.63, AAVhu.64, AAVhu.66, AAVhu.67, AAVhu.14/9, AAVhu.t 19, AAVrh.2, AAVrh.2R, AAVrh.8, AAVrh.8R, AAVrh.10, AAVrh.12, AAVrh.13, AAVrh.13R, AAVrh.14, AAVrh.17, AAVrh.18, AAVrh.19, AAVrh.20, AAVrh.21, AAVrh.22, AAVrh.23, AAVrh.24, AAVrh.25, AAVrh.31, AAVrh.32, AAVrh.33, AAVrh.34, AAVrh.35, AAVrh.36, AAVrh.37, AAVrh.37R2, AAVrh.38, AAVrh.39, AAVrh.40, AAVrh.46, AAVrh.48, AAVrh.48.1, AAVrh.48.1.2, AAVrh.48.2, AAVrh.49, AAVrh.51, AAVrh.52, AAVrh.53, AAVrh.54, AAVrh.56, AAVrh.57, AAVrh.58, AAVrh.61, AAVrh.64, AAVrh.64R1, AAVrh.64R2, AAVrh.67, AAVrh.73, AAVrh.74, AAVrh8R, AAVrh8R A586R 돌연변이, AAVrh8R R533A 돌연변이, AAAV, BAAV, 염소(caprine) AAV, 소(bovine) AAV, AAVhE1.1, AAVhEr1.5, AAVhER1.14, AAVhEr1.8, AAVhEr1.16, AAVhEr1.18, AAVhEr1.35, AAVhEr1.7, AAVhEr1.36, AAVhEr2.29, AAVhEr2.4, AAVhEr2.16, AAVhEr2.30, AAVhEr2.31, AAVhEr2.36, AAVhER1.23, AAVhEr3.1, AAV2.5T, AAV-PAEC, AAV-LK01, AAV-LK02, AAV-LK03, AAV-LK04, AAV-LK05, AAV-LK06, AAV-LK07, AAV-LK08, AAV-LK09, AAV-LK10, AAV-LK11, AAV-LK12, AAV-LK13, AAV-LK14, AAV-LK15, AAV-LK16, AAV-LK17, AAV-LK18, AAV-LK19, AAV-PAEC2, AAV-PAEC4, AAV-PAEC6, AAV-PAEC7, AAV-PAEC8, AAV-PAEC11, AAV-PAEC12, AAV-2-pre-miRNA-101 , AAV-8h, AAV-8b, AAV-h, AAV-b, AAV SM 10-2 , AAV 셔플(Shuffle) 100-1 , AAV 셔플 100-3, AAV 셔플 100-7, AAV 셔플 10-2, AAV 셔플 10-6, AAV 셔플 10-8, AAV 셔플 100-2, AAV SM 10-1, AAV SM 10-8 , AAV SM 100-3, AAV SM 100-10, BNP61 AAV, BNP62 AAV, BNP63 AAV, AAVrh.50, AAVrh.43, AAVrh.62, AAVrh.48, AAVhu.19, AAVhu.11, AAVhu.53, AAV4-8/rh.64, AAVLG-9/hu.39, AAV54.5/hu.23, AAV54.2/hu.22, AAV54.7/hu.24, AAV54.1/hu.21, AAV54.4R/hu.27, AAV46.2/hu.28, AAV46.6/hu.29, AAV128.1/hu.43, 트루 타입 AAV(ttAAV), UPENN AAV 10, 재패니즈(Japanese) AAV 10 혈청형, AAV CBr-7.1, AAV CBr-7.10, AAV CBr-7.2, AAV CBr-7.3, AAV CBr-7.4, AAV CBr-7.5, AAV CBr-7.7, AAV CBr-7.8, AAV CBr-B7.3, AAV CBr-B7.4, AAV CBr-E1, AAV CBr-E2, AAV CBr-E3, AAV CBr-E4, AAV CBr-E5, AAV CBr-e5, AAV CBr-E6, AAV CBr-E7, AAV CBr-E8, AAV CHt-1, AAV CHt-2, AAV CHt-3, AAV CHt-6.1, AAV CHt-6.10, AAV CHt-6.5, AAV CHt-6.6, AAV CHt-6.7, AAV CHt-6.8, AAV CHt-P1, AAV CHt-P2, AAV CHt-P5, AAV CHt-P6, AAV CHt-P8, AAV CHt-P9, AAV CKd-1, AAV CKd-10, AAV CKd-2, AAV CKd-3, AAV CKd-4, AAV CKd-6, AAV CKd-7, AAV CKd-8, AAV CKd-B1, AAV CKd-B2, AAV CKd-B3, AAV CKd-B4, AAV CKd-B5, AAV CKd-B6, AAV CKd-B7, AAV CKd-B8, AAV CKd-H1, AAV CKd-H2, AAV CKd-H3, AAV CKd-H4, AAV CKd-H5, AAV CKd-H6, AAV CKd-N3, AAV CKd-N4, AAV CKd-N9, AAV CLg-F1, AAV CLg-F2, AAV CLg-F3, AAV CLg-F4, AAV CLg-F5, AAV CLg-F6, AAV CLg-F7, AAV CLg-F8, AAV CLv-1, AAV CLv1-1, AAV Clv1-10, AAV CLv1-2, AAV CLv-12, AAV CLv1-3, AAV CLv-13, AAV CLv1-4, AAV Clv1-7, AAV Clv1-8, AAV Clv1-9, AAV CLv-2, AAV CLv-3, AAV CLv-4, AAV CLv-6, AAV CLv-8, AAV CLv-D1, AAV CLv-D2, AAV CLv-D3, AAV CLv-D4, AAV CLv-D5, AAV CLv-D6, AAV CLv-D7, AAV CLv-D8, AAV CLv-E1, AAV CLv-K1, AAV CLv-K3, AAV CLv-K6, AAV CLv-L4, AAV CLv-L5, AAV CLv-L6, AAV CLv-M1, AAV CLv-M11, AAV CLv-M2, AAV CLv-M5, AAV CLv-M6, AAV CLv-M7, AAV CLv-M8, AAV CLv-M9, AAV CLv-R1, AAV CLv-R2, AAV CLv-R3, AAV CLv-R4, AAV CLv-R5, AAV CLv-R6, AAV CLv-R7, AAV CLv-R8, AAV CLv-R9, AAV CSp-1, AAV CSp-10, AAV CSp-11, AAV CSp-2, AAV CSp-3, AAV CSp-4, AAV CSp-6, AAV CSp-7, AAV CSp-8, AAV CSp-8.10, AAV CSp-8.2, AAV CSp-8.4, AAV CSp-8.5, AAV CSp-8.6, AAV CSp-8.7, AAV CSp-8.8, AAV CSp-8.9, AAV CSp-9, AAV.hu.48R3, AAV.VR-355, AAV3B, AAV4, AAV5, AAVF1/HSC1, AAVF11/HSC11, AAVF12/HSC12, AAVF13/HSC13, AAVF14/HSC14, AAVF15/HSC15, AAVF16/HSC16,

AAVF17/HSC17, AAVF2/HSC2, AAVF3/HSC3, AAVF4/HSC4, AAVF5/HSC5, AAVF6/HSC6, AAVF7/HSC7, AAVF8/HSC8, AAVF9/HSC9, AAV-PHP.B(PHP.B), AAV-PHP.A(PHP.A), G2B-26, G2B-13, TH1.1-32 및/또는 TH1.1-35, 및 이들의 변이체 중 임의의 것으로부터 선택되는 혈청형을 이용하거나 이에 기초할 수 있다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV2이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAVrh10이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV9(hu14)이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-DJ이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV9.47이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-DJ8이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-PHP.B이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-PHP.A이다.

[0711] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV1(US20030138772의 서열번호 6 및 64), AAV2(US20030138772의 서열번호 7 및 70), AAV3(US20030138772의 서열번호 8 및 71), AAV4(US20030138772의 서열번호 63), AAV5(US20030138772의 서열번호 114), AAV6(US20030138772의 서열번호 65), AAV7(US20030138772의 서열번호 1-3), AAV8(US20030138772의 서열번호 4 및 95), AAV9(US20030138772의 서열번호 5 및 100), AAV10(US20030138772의 서열번호 117), AAV11(US20030138772의 서열번호 118), AAV12(US20030138772의 서열번호 119), AAVrh10(US20030138772의 서열번호 81의 아미노산 1 내지 738), AAV16.3(US20030138772 서열번호 10), AAV29.3/bb.1(US20030138772 서열번호 11), AAV29.4(US20030138772 서열번호 12), AAV29.5/bb.2(US20030138772 서열번호 13), AAV1.3(US20030138772 서열번호 14), AAV13.3(US20030138772 서열번호 15), AAV24.1(US20030138772 서열번호 16), AAV27.3(US20030138772 서열번호 17), AAV7.2(US20030138772 서열번호 18), AAVC1(US20030138772 서열번호 19), AAVC3(US20030138772 서열번호 20), AAVC5(US20030138772 서열번호 21), AAVF1(US20030138772 서열번호 22), AAVF3(US20030138772 서열번호 23), AAVF5(US20030138772 서열번호 24), AAVH6(US20030138772 서열번호 25), AAVH2(US20030138772 서열번호 26), AAV42-8(US20030138772 서열번호 27), AAV42-15(US20030138772 서열번호 28), AAV42-5b(US20030138772 서열번호 29), AAV42-1b(US20030138772 서열번호 30), AAV42-13(US20030138772 서열번호 31), AAV42-3a(US20030138772 서열번호 32), AAV42-4(US20030138772 서열번호 33), AAV42-5a(US20030138772 서열번호 34), AAV42-10(US20030138772 서열번호 35), AAV42-3b(US20030138772 서열번호 36), AAV42-11(US20030138772 서열번호 37), AAV42-6b(US20030138772 서열번호 38), AAV43-1(US20030138772 서열번호 39), AAV43-5(US20030138772 서열번호 40), AAV43-12(US20030138772 서열번호 41), AAV43-20(US20030138772 서열번호 42), AAV43-21(US20030138772 서열번호 43), AAV43-23(US20030138772 서열번호 44), AAV43-25(US20030138772 서열번호 45), AAV44.1(US20030138772 서열번호 46), AAV44.5(US20030138772 서열번호 47), AAV223.1(US20030138772 서열번호 48), AAV223.2(US20030138772 서열번호 49), AAV223.4(US20030138772 서열번호 50), AAV223.5(US20030138772 서열번호 51), AAV223.6(US20030138772 서열번호 52), AAV223.7(US20030138772 서열번호 53), AAVA3.4(US20030138772 서열번호 54), AAVA3.5(US20030138772 서열번호 55), AAVA3.7(US20030138772 서열번호 56), AAVA3.3(US20030138772 서열번호 57), AAV42.12(US20030138772 서열번호 58), AAV44.2(US20030138772 서열번호 59), AAV42-2(US20030138772 서열번호 9), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20030138772호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0712] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV2(US20150159173의 서열번호 7 및 23), rh20(US20150159173의 서열번호 1), rh32/33(US20150159173의 서열번호 2), rh39(US20150159173의 서열번호 3, 20 및 36), rh46(US20150159173의 서열번호 4 및 22), rh73(US20150159173의 서열번호 5), rh74(US20150159173의 서열번호 6), AAV6.1(US20150159173의 서열번호 29), rh.8(US20150159173의 서열번호 41), rh.48.1(US20150159173의 서열번호 44), hu.44(US20150159173의 서열번호 45), hu.29(US20150159173의 서열번호 42), hu.48(US20150159173의 서열번호 38), rh54(US20150159173의 서열번호 49), AAV2(US20150159173의 서열번호 7), cy.5(US20150159173의 서열번호 8 및 24), rh.10(US20150159173의 서열번호 9 및 25), rh.13(US20150159173의 서열번호 10 및 26), AAV1(US20150159173의 서열번호 11 및 27), AAV3(US20150159173의 서열번호 12 및 28), AAV6(US20150159173의 서열번호 13 및 29), AAV7(US20150159173의 서열번호 14 및 30), AAV8(US20150159173의 서열번호 15 및 31), hu.13(US20150159173의 서열번호 16 및 32), hu.26(US20150159173의 서열번호 17 및 33), hu.37(US20150159173의 서열번호 18 및 34), hu.53(US20150159173의 서열번호 19 및 35), rh.43(US20150159173의 서열번호 21 및 37), rh2(US20150159173의 서열번호 39), rh.37(US20150159173의 서열번호 40), rh.64(US20150159173의 서열번호 43), rh.48(US20150159173의 서열번호 44), ch.5(US20150159173의 서열번호 46), rh.67(US20150159173의 서열번호 47), rh.58(US20150159173의 서열번호 48), 또는 이의 변이체, 예컨대, 비제한적으로 Cy5R1, Cy5R2, Cy5R3, Cy5R4, rh.13R, rh.37R2, rh.2R, rh.8R, rh.48.1, rh.48.2, rh.48.1.2, hu.44R1, hu.44R2, hu.44R3, hu.29R, ch.5R1, rh64R1, rh64R2, AAV6.2, AAV6.1, AAV6.12, hu.48R1, hu.48R2,

및 hu.48R3와 같은, 미국공개특허 제US20150159173호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0713] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV9(US 7198951의 서열번호 1-3), AAV2(US 7198951의 서열번호 4), AAV1(US 7198951의 서열번호 5), AAV3(US 7198951의 서열번호 6), 및 AAV8(US 7198951의 서열번호 7)와 같은, 미국특허 제US 7198951호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0714] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV9.9, AAV9.11, AAV9.13, AAV9.16, AAV9.24, AAV9.45, AAV9.47, AAV9.61, AAV9.68, AAV9.84와 같은, N Pulicherla 등(Molecular Therapy 19(6):1070-1078 (2011), 이의 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 의해 기술된 AAV9 서열 중 돌연변이이거나 이를 가질 수 있다.

[0715] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV3B(US 6156303의 서열번호 1 및 10), AAV6(US 6156303의 서열번호 2, 7 및 11), AAV2(US 6156303의 서열번호 3 및 8), AAV3A(US 6156303의 서열번호 4 및 9), 또는 이의 유도체와 같은, 미국특허 제US 6156303호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0716] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV8(US20140359799의 서열번호 1), AAVDJ(US20140359799의 서열번호 2 및 3), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20140359799호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0717] 일부 구현예에서, 혈청형은, Grimm 등(Journal of Virology 82(12): 5887-5911 (2008), 이의 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 의해 기술된 AAVDJ8(또는 AAV-DJ8)와 같은, AAVDJ 또는 이의 변이체일 수 있다. AAVDJ8의 아미노산 서열은 헤파린 결합 도메인(HBD)을 제거하기 위해 2 이상의 돌연변이를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 미국특허 제7,588,772호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에서 서열번호 1으로 기술된 AAV-DJ 서열은, 두 돌연변이: (1) 아미노산 587에서 아르기닌(R; Arg)이 글루타민(Q; Gln)으로 변경된 R587Q 및 (2) 아미노산 590에서 아르기닌(R; Arg)이 트레오닌(T; Thr)으로 변경된 R590T를 포함할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 세 돌연변이: (1) 아미노산 406에서 리신(K; Lys)이 아르기닌(R; Arg)으로 변경된 K406R, (2) 아미노산 587에서 아르기닌(R; Arg)이 글루타민(Q; Gln)으로 변경된 R587Q 및 (3) 아미노산 590에서 아르기닌(R; Arg)이 트레오닌(T; Thr)으로 변경된 R590T를 포함할 수 있다.

[0718] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV4(WO1998011244의 서열번호 1-20)와 같은, 국제특허공개 제WO1998011244호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 AAV4의 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0719] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 본원에 참조로써 전체가 포함된 국제특허공개 제WO2014144229호에 기술된 AAV2G9를 생성하는 AAV2 서열 중 돌연변이이거나 이를 가질 수 있다.

[0720] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV3-3(WO2005033321의 서열번호 217), AAV1(WO2005033321의 서열번호 219 및 202), AAV106.1/hu.37(WO2005033321의 서열번호 10), AAV114.3/hu.40(WO2005033321의 서열번호 11), AAV127.2/hu.41(WO2005033321의 서열번호6 및 8), AAV128.3/hu.44(WO2005033321의 서열번호 81), AAV130.4/hu.48(WO2005033321의 서열번호 78), AAV145.1/hu.53(WO2005033321의 서열번호 176 및 177), AAV145.6/hu.56(WO2005033321의 서열번호 168 및 192), AAV16.12/hu.11(WO2005033321의 서열번호 153 및 57), AAV16.8/hu.10(WO2005033321의 서열번호 156 및 56), AAV161.10/hu.60(WO2005033321의 서열번호 170), AAV161.6/hu.61(WO2005033321의 서열번호 174), AAV1-7/rh.48(WO2005033321의 서열번호 32), AAV1-8/rh.49(WO2005033321의 서열번호 103 및 25), AAV2(WO2005033321의 서열번호 211 및 221), AAV2-15/rh.62(WO2005033321의 서열번호 33 및 114), AAV2-3/rh.61(WO2005033321의 서열번호 21), AAV2-4/rh.50(WO2005033321의 서열번호 23 및 108), AAV2-5/rh.51(WO2005033321의 서열번호 104 및 22), AAV3.1/hu.6(WO2005033321의 서열번호 5 및 84), AAV3.1/hu.9(WO2005033321의 서열번호 155 및 58), AAV3-11/rh.53(WO2005033321의 서열번호 186 및 176), AAV3-3(WO2005033321의 서열번호 200), AAV33.12/hu.17(WO2005033321의 서열번호4), AAV33.4/hu.15(WO2005033321의 서열번호 50), AAV33.8/hu.16(WO2005033321의 서열번호 51), AAV3-9/rh.52(WO2005033321의 서열번호 96 및 18), AAV4-19/rh.55(WO2005033321의 서열번호 117), AAV4-4(WO2005033321의 서열번호 201 및 218), AAV4-9/rh.54(WO2005033321의 서열번호 116), AAV5(WO2005033321의 서열번호 199 및 216), AAV52.1/hu.20(WO2005033321의 서열번호 63), AAV52/hu.19(WO2005033321의 서열번호 133), AAV5-22/rh.58(WO2005033321의 서열번호 27), AAV5-3/rh.57(WO2005033321의 서열번호 105), AAV5-

3/rh.57(WO2005033321의 서열번호 26), AAV58.2/hu.25(WO2005033321의 서열번호 49), AAV6(WO2005033321의 서열번호 203 및 220), AAV7(WO2005033321의 서열번호 222 및 213), AAV7.3/hu.7(WO2005033321의 서열번호 55), AAV8(WO2005033321의 서열번호 223 및 214), AAVH-1/hu.1(WO2005033321의 서열번호 46), AAVH-5/hu.3(WO2005033321의 서열번호 44), AAVhu.1(WO2005033321의 서열번호 144), AAVhu.10(WO2005033321의 서열번호 156), AAVhu.11(WO2005033321의 서열번호 153), AAVhu.12(WO2005033321 서열번호 59), AAVhu.13(WO2005033321의 서열번호 129), AAVhu.14/AAV9(WO2005033321의 서열번호 123 및 3), AAVhu.15(WO2005033321의 서열번호 147), AAVhu.16(WO2005033321의 서열번호 148), AAVhu.17(WO2005033321의 서열번호 83), AAVhu.18(WO2005033321의 서열번호 149), AAVhu.19(WO2005033321의 서열번호 133), AAVhu.2(WO2005033321의 서열번호 143), AAVhu.20(WO2005033321의 서열번호 134), AAVhu.21(WO2005033321의 서열번호 135), AAVhu.22(WO2005033321의 서열번호 138), AAVhu.23.2(WO2005033321의 서열번호 137), AAVhu.24(WO2005033321의 서열번호 136), AAVhu.25(WO2005033321의 서열번호 146), AAVhu.27(WO2005033321의 서열번호 140), AAVhu.29(WO2005033321의 서열번호 132), AAVhu.3(WO2005033321의 서열번호 145), AAVhu.31(WO2005033321의 서열번호 121), AAVhu.32(WO2005033321의 서열번호 122), AAVhu.34(WO2005033321의 서열번호 125), AAVhu.35(WO2005033321의 서열번호 164), AAVhu.37(WO2005033321의 서열번호 88), AAVhu.39(WO2005033321의 서열번호 102), AAVhu.4(WO2005033321의 서열번호 141), AAVhu.40(WO2005033321의 서열번호 87), AAVhu.41(WO2005033321의 서열번호 91), AAVhu.42(WO2005033321의 서열번호 85), AAVhu.43(WO2005033321의 서열번호 160), AAVhu.44(WO2005033321의 서열번호 144), AAVhu.45(WO2005033321의 서열번호 127), AAVhu.46(WO2005033321의 서열번호 159), AAVhu.47(WO2005033321의 서열번호 128), AAVhu.48(WO2005033321의 서열번호 157), AAVhu.49(WO2005033321의 서열번호 189), AAVhu.51(WO2005033321의 서열번호 190), AAVhu.52(WO2005033321의 서열번호 191), AAVhu.53(WO2005033321의 서열번호 186), AAVhu.54(WO2005033321의 서열번호 188), AAVhu.55(WO2005033321의 서열번호 187), AAVhu.56(WO2005033321의 서열번호 192), AAVhu.57(WO2005033321의 서열번호 193), AAVhu.58(WO2005033321의 서열번호 194), AAVhu.6(WO2005033321의 서열번호 84), AAVhu.60(WO2005033321의 서열번호 184), AAVhu.61(WO2005033321의 서열번호 185), AAVhu.63(WO2005033321의 서열번호 195), AAVhu.64(WO2005033321의 서열번호 196), AAVhu.66(WO2005033321의 서열번호 197), AAVhu.67(WO2005033321의 서열번호 198), AAVhu.7(WO2005033321의 서열번호 150), AAVhu.8(WO2005033321 서열번호 12), AAVhu.9(WO2005033321의 서열번호 155), AAVLG-10/rh.40(WO2005033321의 서열번호 14), AAVLG-4/rh.38(WO2005033321의 서열번호 86), AAVLG-4/rh.38(WO2005033321의 서열번호 7), AAVN721-8/rh.43(WO2005033321의 서열번호 163), AAVN721-8/rh.43(WO2005033321의 서열번호 43), AAVpi.1(WO2005033321 서열번호 28), AAVpi.2(WO2005033321 서열번호 30), AAVpi.3(WO2005033321 서열번호 29), AAVrh.38(WO2005033321의 서열번호 86), AAVrh.40(WO2005033321의 서열번호 92), AAVrh.43(WO2005033321의 서열번호 163), AAVrh.44(WO2005033321 서열번호 34), AAVrh.45(WO2005033321 서열번호 41), AAVrh.47(WO2005033321 서열번호 38), AAVrh.48(WO2005033321의 서열번호 115), AAVrh.49(WO2005033321의 서열번호 103), AAVrh.50(WO2005033321의 서열번호 108), AAVrh.51(WO2005033321의 서열번호 104), AAVrh.52(WO2005033321의 서열번호 96), AAVrh.53(WO2005033321의 서열번호 97), AAVrh.55(WO2005033321 서열번호 37), AAVrh.56(WO2005033321의 서열번호 152), AAVrh.57(WO2005033321의 서열번호 105), AAVrh.58(WO2005033321의 서열번호 106), AAVrh.59(WO2005033321 서열번호 42), AAVrh.60(WO2005033321 서열번호 31), AAVrh.61(WO2005033321의 서열번호 107), AAVrh.62(WO2005033321의 서열번호 114), AAVrh.64(WO2005033321의 서열번호 99), AAVrh.65(WO2005033321 서열번호 35), AAVrh.68(WO2005033321 서열번호 16), AAVrh.69(WO2005033321 서열번호 39), AAVrh.70(WO2005033321 서열번호 20), AAVrh.72(WO2005033321 서열번호 9), 또는 이의 변이체, 예컨대, 비제한적으로, AAVcy.2, AAVcy.3, AAVcy.4, AAVcy.5, AAVcy.6, AAVrh.12, AAVrh.17, AAVrh.18, AAVrh.19, AAVrh.21, AAVrh.22, AAVrh.23, AAVrh.24, AAVrh.25, AAVrh.25/42 15, AAVrh.31, AAVrh.32, AAVrh.33, AAVrh.34, AAVrh.35, AAVrh.36, AAVrh.37, AAVrh14와 같은, 국제특허공개 제WO2005033321호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다. 변이체의 비제한적인 예는 WO2005033321(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)의 서열번호 13, 15, 17, 19, 24, 36, 40, 45, 47, 48, 51-54, 60-62, 64-77, 79, 80, 82, 89, 90, 93-95, 98, 100, 101, , 109-113, 118-120, 124, 126, 131, 139, 142, 151, 154, 158, 161, 162, 165-183, 202, 204-212, 215, 219, 224-236를 포함한다.

[0721] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAVrh8R(WO2015168666의 서열번호 9), AAVrh8R A586R 돌연변이(WO2015168666의 서열번호 10), AAVrh8R R533A 돌연변이(WO2015168666의 서열번호 11), 또는 이의 변이체와 같은, 국제특허공개 제WO2015168666호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질

수 있다.

[0722] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAVhE1.1(US9233131의 서열번호44), AAVhEr1.5(US9233131의 서열번호45), AAVhER1.14(US9233131의 서열번호46), AAVhEr1.8(US9233131의 서열번호47), AAVhEr1.16(US9233131의 서열번호48), AAVhEr1.18(US9233131의 서열번호49), AAVhEr1.35(US9233131의 서열번호50), AAVhEr1.7(US9233131의 서열번호51), AAVhEr1.36(US9233131의 서열번호52), AAVhEr2.29(US9233131의 서열번호53), AAVhEr2.4(US9233131의 서열번호54), AAVhEr2.16(US9233131의 서열번호55), AAVhEr2.30(US9233131의 서열번호56), AAVhEr2.31(US9233131의 서열번호58), AAVhEr2.36(US9233131의 서열번호57), AAVhER1.23(US9233131의 서열번호53), AAVhEr3.1(US9233131의 서열번호59), AAV2.5T(US9233131의 서열번호42), 또는 이의 변이체와 같은, 미국특허 제US9233131호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0723] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV-PAEC(US20150376607의 서열번호1), AAV-LK01(US20150376607의 서열번호2), AAV-LK02(US20150376607의 서열번호3), AAV-LK03(US20150376607의 서열번호4), AAV-LK04(US20150376607의 서열번호5), AAV-LK05(US20150376607의 서열번호6), AAV-LK06(US20150376607의 서열번호7), AAV-LK07(US20150376607의 서열번호8), AAV-LK08(US20150376607의 서열번호9), AAV-LK09(US20150376607의 서열번호10), AAV-LK10(US20150376607의 서열번호11), AAV-LK11(US20150376607의 서열번호12), AAV-LK12(US20150376607의 서열번호13), AAV-LK13(US20150376607의 서열번호14), AAV-LK14(US20150376607의 서열번호15), AAV-LK15(US20150376607의 서열번호16), AAV-LK16(US20150376607의 서열번호17), AAV-LK17(US20150376607의 서열번호18), AAV-LK18(US20150376607의 서열번호19), AAV-LK19(US20150376607의 서열번호20), AAV-PAEC2(US20150376607의 서열번호21), AAV-PAEC4(US20150376607의 서열번호22), AAV-PAEC6(US20150376607의 서열번호23), AAV-PAEC7(US20150376607의 서열번호24), AAV-PAEC8(US20150376607의 서열번호25), AAV-PAEC11(US20150376607의 서열번호26), AAV-PAEC12(US20150376607의, 서열번호27), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20150376607호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0724] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV-2-pre-miRNA-101(US9163261의 서열번호 1), 또는 이의 변이체와 같은, 미국특허 제US9163261호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0725] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV-8h(US20150376240의 서열번호 6), AAV-8b(US20150376240의 서열번호 5), AAV-h(US20150376240의 서열번호 2), AAV-b(US20150376240의 서열번호 1), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20150376240호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0726] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV SM 10-2(US20160017295의 서열번호 22), AAV 셔플(Shuffle) 100-1 (US20160017295의 서열번호 23), AAV 셔플 100-3(US20160017295의 서열번호 24), AAV 셔플 100-7(US20160017295의 서열번호 25), AAV 셔플 10-2(US20160017295의 서열번호 34), AAV 셔플 10-6(US20160017295의 서열번호 35), AAV 셔플 10-8(US20160017295의 서열번호 36), AAV 셔플 100-2(US20160017295의 서열번호 37), AAV SM 10-1(US20160017295의 서열번호 38), AAV SM 10-8 (US20160017295의 서열번호 39), AAV SM 100-3(US20160017295의 서열번호 40), AAV SM 100-10(US20160017295의 서열번호 41), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20160017295호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0727] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, BNP61 AAV(US20150238550의 서열번호 1), BNP62 AAV(US20150238550의 서열번호 3), BNP63 AAV(US20150238550의 서열번호 4), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20150238550호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0728] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAVrh.50(US20150315612의 서열번호 108), AAVrh.43(US20150315612의 서열번호 163), AAVrh.62(US20150315612의 서열번호 114), AAVrh.48(US20150315612의 서열번호 115), AAVhu.19(US20150315612의 서열번호 133), AAVhu.11(US20150315612의 서열번호 153), AAVhu.53(US20150315612의 서열번호 186), AAV4-8/rh.64(US20150315612의 서열번호 15), AAVLG-9/hu.39(US20150315612의 서열번호 24), AAV54.5/hu.23(US20150315612의 서열번호 60), AAV54.2/hu.22(US20150315612의 서열번호 67), AAV54.7/hu.24(US20150315612의 서열번호 66), AAV54.1/hu.21(US20150315612의 서열번호 65), AAV54.4R/hu.27(US20150315612의 서열번호 64),

AAV46.2/hu.28(US20150315612의 서열번호 68), AAV46.6/hu.29(US20150315612의 서열번호 69), AAV128.1/hu.43(US20150315612의 서열번호 80), 또는 이의 변이체와 같은, 미국공개특허 제US20150315612호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0729] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, 트루 타입 AAV(ttAAV)(WO2015121501의 서열번호 2), "UPenn AAV10"(WO2015121501의 서열번호 8), "재패니즈(Japanese) AAV10"(WO2015121501의 서열번호 9), 또는 이의 변이체와 같은, 국제특허공개 제WO2015121501호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0730] 본 발명에 따르면, AAV 캡시드 혈청형 선택 또는 사용은 다양한 종으로부터 유래할 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV는 조류 AAV(AAAV)일 수 있다. AAAV 혈청형은, 비제한적으로, AAAV(US 9,238,800의 서열번호 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12 및 14), 또는 이의 변이체와 같은, 미국특허 제US 9238800호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0731] 하나의 구현예에서, AAV는 소 AAV(BAAV)일 수 있다. BAAV 혈청형은, 비제한적으로, BAAV(US 9193769의 서열번호 1 및 6), 또는 이의 변이체와 같은, 미국특허 제US 9,193,769호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다. BAAV 혈청형은, 비제한적으로, BAAV(US7427396의 서열번호 5 및 6), 또는 이의 변이체와 같은, 미국특허 제US7427396호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0732] 하나의 구현예에서, AAV는 염소 AAV일 수 있다. 염소 AAV 혈청형은, 비제한적으로, 염소 AAV(US7427396의 서열번호 3), 또는 이의 변이체와 같은, 미국특허 제US7427396호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0733] 다른 구현예에서, AAV는 2 이상의 모(parental) 혈청형으로부터 혼성형(hybrid) AAV로 조작될 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV는 AAV2 및 AAV9로부터의 서열을 포함하는 AAV2G9일 수 있다. AAV2G9 AAV 혈청형은 미국공개특허 제US20160017005호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0734] 하나의 구현예에서, AAV는, Pulicherla 등(Molecular Therapy 19(6):1070-1078 (2011), 이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 의해 기술된 아미노산 390-627(VP1 넘버링)에서 돌연변이를 갖는 AAV9 캡시드 라이브러리에 의해 생성된 혈청형일 수 있다. 혈청형 및 상응하는 뉴클레오티드 및 아미노산 치환은, 비제한적으로, AAV9.1(G1594C; D532H), AAV6.2(T1418A 및 T1436X; V473D 및 I479K), AAV9.3(T1238A; F413Y), AAV9.4(T1250C 및 A1617T; F417S), AAV9.5(A1235G, A1314T, A1642G, C1760T; Q412R, T548A, A587V), AAV9.6(T1231A; F411I), AAV9.9(G1203A, G1785T; W595C), AAV9.10(A1500G, T1676C; M559T), AAV9.11(A1425T, A1702C, A1769T; T568P, Q590L), AAV9.13(A1369C, A1720T; N457H, T574S), AAV9.14(T1340A, T1362C, T1560C, G1713A; L447H), AAV9.16(A1775T; Q592L), AAV9.24(T1507C, T1521G; W503R), AAV9.26(A1337G, A1769C; Y446C, Q590P), AAV9.33(A1667C; D556A), AAV9.34(A1534G, C1794T; N512D), AAV9.35(A1289T, T1450A, C1494T, A1515T, C1794A, G1816A; Q430L, Y484N, N98K, V606I), AAV9.40(A1694T, E565V), AAV9.41(A1348T, T1362C; T450S), AAV9.44(A1684C, A1701T, A1737G; N562H, K567N), AAV9.45(A1492T, C1804T; N498Y, L602F), AAV9.46(G1441C, T1525C, T1549G; G481R, W509R, L517V), 9.47(G1241A, G1358A, A1669G, C1745T; S414N, G453D, K557E, T582I), AAV9.48(C1445T, A1736T; P482L, Q579L), AAV9.50(A1638T, C1683T, T1805A; Q546H, L602H), AAV9.53(G1301A, A1405C, C1664T, G1811T; R134Q, S469R, A555V, G604V), AAV9.54(C1531A, T1609A; L511I, L537M), AAV9.55(T1605A; F535L), AAV9.58(C1475T, C1579A; T492I, H527N), AAV.59(T1336C; Y446H), AAV9.61(A1493T; N498I), AAV9.64(C1531A, A1617T; L511I), AAV9.65(C1335T, T1530C, C1568A; A523D), AAV9.68(C1510A; P504T), AAV9.80(G1441A,;G481R), AAV9.83(C1402A, A1500T; P468T, E500D), AAV9.87(T1464C, T1468C; S490P), AAV9.90(A1196T; Y399F), AAV9.91(T1316G, A1583T, C1782G, T1806C; L439R, K528I), AAV9.93(A1273G, A1421G, A1638C, C1712T, G1732A, A1744T, A1832T; S425G, Q474R, Q546H, P571L, G578R, T582S, D611V), AAV9.94(A1675T; M559L) 및 AAV9.95(T1605A; F535L)일 수 있다.

[0735] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAVF1/HSC1(WO2016049230의 서열번호 2 및 20), AAVF2/HSC2(WO2016049230의 서열번호 3 및 21), AAVF3/HSC3(WO2016049230의 서열번호 5 및 22), AAVF4/HSC4(WO2016049230의 서열번호 6 및 23), AAVF5/HSC5(WO2016049230의 서열번호 11 및 25), AAVF6/HSC6(WO2016049230의 서열번호 7 및 24), AAVF7/HSC7(WO2016049230의 서열번호 8 및 27), AAVF8/HSC8(WO2016049230의 서열번호 9 및 28), AAVF9/HSC9(WO2016049230의 서열번호 10 및 29), AAVF11/HSC11(WO2016049230의 서열번호 4 및 26), AAVF12/HSC12(WO2016049230의 서열번호 12 및 30),

AAVF13/HSC13(WO2016049230의 서열번호 14 및 31), AAVF14/HSC14(WO2016049230의 서열번호 15 및 32), AAVF15/HSC15(WO2016049230의 서열번호 16 및 33), AAVF16/HSC16(WO2016049230의 서열번호 17 및 34), AAVF17/HSC17(WO2016049230의 서열번호 13 및 35), 또는 이의 변이체 또는 유도체와 같은, 국제특허공개 제WO2016049230호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0736] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV CBr-E1(US8734809의 서열번호 13 및 87), AAV CBr-E2(US8734809의 서열번호 14 및 88), AAV CBr-E3(US8734809의 서열번호 15 및 89), AAV CBr-E4(US8734809의 서열번호 16 및 90), AAV CBr-E5(US8734809의 서열번호 17 및 91), AAV CBr-e5(US8734809의 서열번호 18 및 92), AAV CBr-E6(US8734809의 서열번호 19 및 93), AAV CBr-E7(US8734809의 서열번호 20 및 94), AAV CBr-E8(US8734809의 서열번호 21 및 95), AAV CLv-D1(US8734809의 서열번호 22 및 96), AAV CLv-D2(US8734809의 서열번호 23 및 97), AAV CLv-D3(US8734809의 서열번호 24 및 98), AAV CLv-D4(US8734809의 서열번호 25 및 99), AAV CLv-D5(US8734809의 서열번호 26 및 100), AAV CLv-D6(US8734809의 서열번호 27 및 101), AAV CLv-D7(US8734809의 서열번호 28 및 102), AAV CLv-D8(US8734809의 서열번호 29 및 103), AAV CLv-E1(US8734809의 서열번호 13 및 87), AAV CLv-R1(US8734809의 서열번호 30 및 104), AAV CLv-R2(US8734809의 서열번호 31 및 105), AAV CLv-R3(US8734809의 서열번호 32 및 106), AAV CLv-R4(US8734809의 서열번호 33 및 107), AAV CLv-R5(US8734809의 서열번호 34 및 108), AAV CLv-R6(US8734809의 서열번호 35 및 109), AAV CLv-R7(US8734809의 서열번호 36 및 110), AAV CLv-R8(US8734809의 서열번호 37 및 111), AAV CLv-R9(US8734809의 서열번호 38 및 112), AAV CLg-F1(US8734809의 서열번호 39 및 113), AAV CLg-F2(US8734809의 서열번호 40 및 114), AAV CLg-F3(US8734809의 서열번호 41 및 115), AAV CLg-F4(US8734809의 서열번호 42 및 116), AAV CLg-F5(US8734809의 서열번호 43 및 117), AAV CLg-F6(US8734809의 서열번호 43 및 117), AAV CLg-F7(US8734809의 서열번호 44 및 118), AAV CLg-F8(US8734809의 서열번호 43 및 117), AAV CSp-1(US8734809의 서열번호 45 및 119), AAV CSp-10(US8734809의 서열번호 46 및 120), AAV CSp-11(US8734809의 서열번호 47 및 121), AAV CSp-2(US8734809의 서열번호 48 및 122), AAV CSp-3(US8734809의 서열번호 49 및 123), AAV CSp-4(US8734809의 서열번호 50 및 124), AAV CSp-6(US8734809의 서열번호 51 및 125), AAV CSp-7(US8734809의 서열번호 52 및 126), AAV CSp-8(US8734809의 서열번호 53 및 127), AAV CSp-9(US8734809의 서열번호 54 및 128), AAV CHt-2(US8734809의 서열번호 55 및 129), AAV CHt-3(US8734809의 서열번호 56 및 130), AAV CKd-1(US8734809의 서열번호 57 및 131), AAV CKd-10(US8734809의 서열번호 58 및 132), AAV CKd-2(US8734809의 서열번호 59 및 133), AAV CKd-3(US8734809의 서열번호 60 및 134), AAV CKd-4(US8734809의 서열번호 61 및 135), AAV CKd-6(US8734809의 서열번호 62 및 136), AAV CKd-7(US8734809의 서열번호 63 및 137), AAV CKd-8(US8734809의 서열번호 64 및 138), AAV CLv-1(US8734809의 서열번호 35 및 139), AAV CLv-12(US8734809의 서열번호 66 및 140), AAV CLv-13(US8734809의 서열번호 67 및 141), AAV CLv-2(US8734809의 서열번호 68 및 142), AAV CLv-3(US8734809의 서열번호 69 및 143), AAV CLv-4(US8734809의 서열번호 70 및 144), AAV CLv-6(US8734809의 서열번호 71 및 145), AAV CLv-8(US8734809의 서열번호 72 및 146), AAV CKd-B1(US8734809의 서열번호 73 및 147), AAV CKd-B2(US8734809의 서열번호 74 및 148), AAV CKd-B3(US8734809의 서열번호 75 및 149), AAV CKd-B4(US8734809의 서열번호 76 및 150), AAV CKd-B5(US8734809의 서열번호 77 및 151), AAV CKd-B6(US8734809의 서열번호 78 및 152), AAV CKd-B7(US8734809의 서열번호 79 및 153), AAV CKd-B8(US8734809의 서열번호 80 및 154), AAV CKd-H1(US8734809의 서열번호 81 및 155), AAV CKd-H2(US8734809의 서열번호 82 및 156), AAV CKd-H3(US8734809의 서열번호 83 및 157), AAV CKd-H4(US8734809의 서열번호 84 및 158), AAV CKd-H5(US8734809의 서열번호 85 및 159), AAV CKd-H6(US8734809의 서열번호 77 및 151), AAV CHt-1(US8734809의 서열번호 86 및 160), AAV CLv1-1(US8734809의 서열번호 171), AAV CLv1-2(US8734809의 서열번호 172), AAV CLv1-3(US8734809의 서열번호 173), AAV CLv1-4(US8734809의 서열번호 174), AAV Clv1-7(US8734809의 서열번호 175), AAV Clv1-8(US8734809의 서열번호 176), AAV Clv1-9(US8734809의 서열번호 177), AAV Clv1-10(US8734809의 서열번호 178), AAV.VR-355(US8734809의 서열번호 181), AAV.hu.48R3(US8734809의 서열번호 183), 또는 이의 변이체 또는 유도체와 같은, 미국특허 제US 8734809호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0737] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV CHt-P2(WO2016065001의 서열번호 1 및 51), AAV CHt-P5(WO2016065001의 서열번호 2 및 52), AAV CHt-P9(WO2016065001의 서열번호 3 및 53), AAV CBr-7.1(WO2016065001의 서열번호 4 및 54), AAV CBr-7.2(WO2016065001의 서열번호 5 및 55), AAV CBr-7.3(WO2016065001의 서열번호 6 및 56), AAV CBr-7.4(WO2016065001의 서열번호 7 및 57), AAV CBr-7.5(WO2016065001의 서열번호 8 및 58), AAV CBr-7.7(WO2016065001의 서열번호 9 및 59), AAV CBr-7.8(WO2016065001의 서열번호 10 및 60), AAV CBr-7.10(WO2016065001의 서열번호 11 및 61), AAV CKd-

N3(WO2016065001의 서열번호 12 및 62), AAV CKd-N4(WO2016065001의 서열번호 13 및 63), AAV CKd-N9(WO2016065001의 서열번호 14 및 64), AAV CLv-L4(WO2016065001의 서열번호 15 및 65), AAV CLv-L5(WO2016065001의 서열번호 16 및 66), AAV CLv-L6(WO2016065001의 서열번호 17 및 67), AAV CLv-K1(WO2016065001의 서열번호 18 및 68), AAV CLv-K3(WO2016065001의 서열번호 19 및 69), AAV CLv-K6(WO2016065001의 서열번호 20 및 70), AAV CLv-M1(WO2016065001의 서열번호 21 및 71), AAV CLv-M11(WO2016065001의 서열번호 22 및 72), AAV CLv-M2(WO2016065001의 서열번호 23 및 73), AAV CLv-M5(WO2016065001의 서열번호 24 및 74), AAV CLv-M6(WO2016065001의 서열번호 25 및 75), AAV CLv-M7(WO2016065001의 서열번호 26 및 76), AAV CLv-M8(WO2016065001의 서열번호 27 및 77), AAV CLv-M9(WO2016065001의 서열번호 28 및 78), AAV CHt-P1(WO2016065001의 서열번호 29 및 79), AAV CHt-P6(WO2016065001의 서열번호 30 및 80), AAV CHt-P8(WO2016065001의 서열번호 31 및 81), AAV CHt-6.1(WO2016065001의 서열번호 32 및 82), AAV CHt-6.10(WO2016065001의 서열번호 33 및 83), AAV CHt-6.5(WO2016065001의 서열번호 34 및 84), AAV CHt-6.6(WO2016065001의 서열번호 35 및 85), AAV CHt-6.7(WO2016065001의 서열번호 36 및 86), AAV CHt-6.8(WO2016065001의 서열번호 37 및 87), AAV CSp-8.10(WO2016065001의 서열번호 38 및 88), AAV CSp-8.2(WO2016065001의 서열번호 39 및 89), AAV CSp-8.4(WO2016065001의 서열번호 40 및 90), AAV CSp-8.5(WO2016065001의 서열번호 41 및 91), AAV CSp-8.6(WO2016065001의 서열번호 42 및 92), AAV CSp-8.7(WO2016065001의 서열번호 43 및 93), AAV CSp-8.8(WO2016065001의 서열번호 44 및 94), AAV CSp-8.9(WO2016065001의 서열번호 45 및 95), AAV CBr-B7.3(WO2016065001의 서열번호 46 및 96), AAV CBr-B7.4(WO2016065001의 서열번호 47 및 97), AAV3B(WO2016065001의 서열번호 48 및 98), AAV4(WO2016065001의 서열번호 49 및 99), AAV5(WO2016065001의 서열번호 50 및 100), 또는 이의 변이체 또는 유도체와 같은, 국제특허공개 제WO2016065001호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다.

[0738] 하나의 구현예에서, AAV는 적어도 하나의 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 포함하는 혈청형일 수 있다. 비제한적인 예로서, 혈청형은 AAV1, AAV2 또는 AAV8일 수 있다.

[0739] 하나의 구현예에서, AAV는 표 4에서 찾아볼 수 있는 것들 중 임의의 것으로부터 선택되는 혈청형일 수 있다.

[0740] 하나의 구현예에서, AAV는 표 4에서의 서열들 중의, 이의 서열, 단편 또는 변이체를 포함할 수 있다.

[0741] 하나의 구현예에서, AAV는 표 4에 기술된 서열, 단편 또는 변이체에 의해 암호화될 수 있다.

표 4

AAV 혈청형

혈청형	서열 번호	참조 정보
AAV1	28	US20150159173 서열번호 11, US20150315612 서열번호 202
AAV1	29	US20160017295 서열번호 1US20030138772 서열번호 64, US20150159173 서열번호 27, US20150315612 서열번호 219, US7198951 서열번호 5
AAV1	30	US20030138772 서열번호 6
AAV1.3	31	US20030138772 서열번호 14
AAV10	32	US20030138772 서열번호 117
AAV10	33	WO2015121501 서열번호 9
AAV10	34	WO2015121501 서열번호 8
AAV11	35	US20030138772 서열번호 118
AAV12	36	US20030138772 서열번호 119
AAV2	37	US20150159173 서열번호 7, US20150315612 서열번호 211
AAV2	38	US20030138772 서열번호 70, US20150159173 서열번호 23, US20150315612 서열번호 221, US20160017295 서열번호 2, US6156303 서열번호 4, US7198951 서열번호 4, WO2015121501 서열번호 1
AAV2	39	US6156303 서열번호 8
AAV2	40	US20030138772 서열번호 7
AAV2	41	US6156303 서열번호 3
AAV2.5T	42	US9233131 서열번호 42
AAV223.10	43	US20030138772 서열번호 75
AAV223.2	44	US20030138772 서열번호 49
AAV223.2	45	US20030138772 서열번호 76
AAV223.4	46	US20030138772 서열번호 50
AAV223.4	47	US20030138772 서열번호 73
AAV223.5	48	US20030138772 서열번호 51
AAV223.5	49	US20030138772 서열번호 74
AAV223.6	50	US20030138772 서열번호 52
AAV223.6	51	US20030138772 서열번호 78
AAV223.7	52	US20030138772 서열번호 53
AAV223.7	53	US20030138772 서열번호 77
AAV29.3	54	US20030138772 서열번호 82
AAV29.4	55	US20030138772 서열번호 12
AAV29.5	56	US20030138772 서열번호 83
AAV29.5 (AAVbb.2)	57	US20030138772 서열번호 13
AAV3	58	US20150159173 서열번호 12
AAV3	59	US20030138772 서열번호 71, US20150159173 서열번호 28, US20160017295 서열번호 3, US7198951 서열번호 6
AAV3	60	US20030138772 서열번호 8
AAV3.3b	61	US20030138772 서열번호 72
AAV3-3	62	US20150315612 서열번호 200
AAV3-3	63	US20150315612 서열번호 217
AAV3a	64	US6156303 서열번호 5

[0742]

AAV3a	65	US6156303 서열번호 9
AAV3b	66	US6156303 서열번호 6
AAV3b	67	US6156303 서열번호 10
AAV3b	68	US6156303 서열번호 1
AAV4	69	US20140348794 서열번호 17
AAV4	70	US20140348794 서열번호 5
AAV4	71	US20140348794 서열번호 3
AAV4	72	US20140348794 서열번호 14
AAV4	73	US20140348794 서열번호 15
AAV4	74	US20140348794 서열번호 19
AAV4	75	US20140348794 서열번호 12
AAV4	76	US20140348794 서열번호 13
AAV4	77	US20140348794 서열번호 7
AAV4	78	US20140348794 서열번호 8
AAV4	79	US20140348794 서열번호 9
AAV4	80	US20140348794 서열번호 2
AAV4	81	US20140348794 서열번호 10
AAV4	82	US20140348794 서열번호 11
AAV4	83	US20140348794 서열번호 18
AAV4	84	US20030138772 서열번호 63, US20160017295 서열번호 4, US20140348794 서열번호 4
AAV4	85	US20140348794 서열번호 16
AAV4	86	US20140348794 서열번호 20
AAV4	87	US20140348794 서열번호 6
AAV4	88	US20140348794 서열번호 1
AAV42.2	89	US20030138772 서열번호 9
AAV42.2	90	US20030138772 서열번호 102
AAV42.3b	91	US20030138772 서열번호 36
AAV42.3B	92	US20030138772 서열번호 107
AAV42.4	93	US20030138772 서열번호 33
AAV42.4	94	US20030138772 서열번호 88
AAV42.8	95	US20030138772 서열번호 27
AAV42.8	96	US20030138772 서열번호 85
AAV43.1	97	US20030138772 서열번호 39
AAV43.1	98	US20030138772 서열번호 92
AAV43.12	99	US20030138772 서열번호 41
AAV43.12	100	US20030138772 서열번호 93
AAV43.20	101	US20030138772 서열번호 42
AAV43.20	102	US20030138772 서열번호 99
AAV43.21	103	US20030138772 서열번호 43
AAV43.21	104	US20030138772 서열번호 96
AAV43.23	105	US20030138772 서열번호 44
AAV43.23	106	US20030138772 서열번호 98
AAV43.25	107	US20030138772 서열번호 45
AAV43.25	108	US20030138772 서열번호 97

[0743]

AAV43.5	109	US20030138772 서열번호 40
AAV43.5	110	US20030138772 서열번호 94
AAV4-4	111	US20150315612 서열번호 201
AAV4-4	112	US20150315612 서열번호 218
AAV44.1	113	US20030138772 서열번호 46
AAV44.1	114	US20030138772 서열번호 79
AAV44.5	115	US20030138772 서열번호 47
AAV44.5	116	US20030138772 서열번호 80
AAV4407	117	US20150315612 서열번호 90
AAV5	118	US7427396 서열번호 1
AAV5	119	US20030138772 서열번호 114
AAV5	120	US20160017295 서열번호 5, US7427396 서열번호 2, US20150315612 서열번호 216
AAV5	121	US20150315612 서열번호 199
AAV6	122	US20150159173 서열번호 13
AAV6	123	US20030138772 서열번호 65, US20150159173 서열번호 29, US20160017295 서열번호 6, US6156303 서열번호 7
AAV6	124	US6156303 서열번호 11
AAV6	125	US6156303 서열번호 2
AAV6	126	US20150315612 서열번호 203
AAV6	127	US20150315612 서열번호 220
AAV6.1	128	US20150159173
AAV6.12	129	US20150159173
AAV6.2	130	US20150159173
AAV7	131	US20150159173 서열번호 14
AAV7	132	US20150315612 서열번호 183
AAV7	133	US20030138772 서열번호 2, US20150159173 서열번호 30, US20150315612 서열번호 181, US20160017295 서열번호 7
AAV7	134	US20030138772 서열번호 3
AAV7	135	US20030138772 서열번호 1, US20150315612 서열번호 180
AAV7	136	US20150315612 서열번호 213
AAV7	137	US20150315612 서열번호 222
AAV8	138	US20150159173 서열번호 15
AAV8	139	US20150376240 서열번호 7
AAV8	140	US20030138772 서열번호 4, US20150315612 서열번호 182
AAV8	141	US20030138772 서열번호 95, US20140359799 서열번호 1, US20150159173 서열번호 31, US20160017295 서열번호 8, US7198951 서열번호 7, US20150315612 서열번호 223
AAV8	142	US20150376240 서열번호 8
AAV8	143	US20150315612 서열번호 214
AAV-8b	144	US20150376240 서열번호 5
AAV-8b	145	US20150376240 서열번호 3
AAV-8h	146	US20150376240 서열번호 6
AAV-8h	147	US20150376240 서열번호 4
AAV9	148	US20030138772 서열번호 5
AAV9	149	US7198951 서열번호 1

[0744]

AAV9	150	US20160017295 서열번호 9
AAV9	151	US20030138772 서열번호 100, US7198951 서열번호 2
AAV9	152	US7198951 서열번호 3
AAV9 (AAVhu.14)	153	US7906111 서열번호 3; WO2015038958 서열번호 11
AAV9 (AAVhu.14)	154	US7906111 서열번호 123; WO2015038958 서열번호 2
AAVA3.1	155	US20030138772 서열번호 120
AAVA3.3	156	US20030138772 서열번호 57
AAVA3.3	157	US20030138772 서열번호 66
AAVA3.4	158	US20030138772 서열번호 54
AAVA3.4	159	US20030138772 서열번호 68
AAVA3.5	160	US20030138772 서열번호 55
AAVA3.5	161	US20030138772 서열번호 69
AAVA3.7	162	US20030138772 서열번호 56
AAVA3.7	163	US20030138772 서열번호 67
AAV29.3 (AAVbb.1)	164	US20030138772 서열번호 11
AAVC2	165	US20030138772 서열번호 61
AAVCh.5	166	US20150159173 서열번호 46, US20150315612 서열번호 234
AAVcy.2 (AAV13.3)	167	US20030138772 서열번호 15
AAV24.1	168	US20030138772 서열번호 101
AAVcy.3 (AAV24.1)	169	US20030138772 서열번호 16
AAV27.3	170	US20030138772 서열번호 104
AAVcy.4 (AAV27.3)	171	US20030138772 서열번호 17
AAVcy.5	172	US20150315612 서열번호 227
AAV7.2	173	US20030138772 서열번호 103
AAVcy.5 (AAV7.2)	174	US20030138772 서열번호 18
AAV16.3	175	US20030138772 서열번호 105
AAVcy.6 (AAV16.3)	176	US20030138772 서열번호 10
AAVcy.5	177	US20150159173 서열번호 8
AAVcy.5	178	US20150159173 서열번호 24
AAVCy.5R1	179	US20150159173
AAVCy.5R2	180	US20150159173
AAVCy.5R3	181	US20150159173
AAVCy.5R4	182	US20150159173
AAVDJ	183	US20140359799 서열번호 3, US7588772 서열번호 2
AAVDJ	184	US20140359799 서열번호 2, US7588772 서열번호 1
AAVDJ-8	185	US7588772; Grimm et al 2008
AAVDJ-8	186	US7588772; Grimm et al 2008
AAVF5	187	US20030138772 서열번호 110
AAVH2	188	US20030138772 서열번호 26
AAVH6	189	US20030138772 서열번호 25
AAVhE1.1	190	US9233131 서열번호 44
AAVhEr1.14	191	US9233131 서열번호 46
AAVhEr1.16	192	US9233131 서열번호 48
AAVhEr1.18	193	US9233131 서열번호 49
AAVhEr1.23 (AAVhEr2.29)	194	US9233131 서열번호 53

[0745]

AAVhEr1.35	195	US9233131 서열번호 50
AAVhEr1.36	196	US9233131 서열번호 52
AAVhEr1.5	197	US9233131 서열번호 45
AAVhEr1.7	198	US9233131 서열번호 51
AAVhEr1.8	199	US9233131 서열번호 47
AAVhEr2.16	200	US9233131 서열번호 55
AAVhEr2.30	201	US9233131 서열번호 56
AAVhEr2.31	202	US9233131 서열번호 58
AAVhEr2.36	203	US9233131 서열번호 57
AAVhEr2.4	204	US9233131 서열번호 54
AAVhEr3.1	205	US9233131 서열번호 59
AAVhu.1	206	US20150315612 서열번호 46
AAVhu.1	207	US20150315612 서열번호 144
AAVhu.10 (AAV16.8)	208	US20150315612 서열번호 56
AAVhu.10 (AAV16.8)	209	US20150315612 서열번호 156
AAVhu.11 (AAV16.12)	210	US20150315612 서열번호 57
AAVhu.11 (AAV16.12)	211	US20150315612 서열번호 153
AAVhu.12	212	US20150315612 서열번호 59
AAVhu.12	213	US20150315612 서열번호 154
AAVhu.13	214	US20150159173 서열번호 16, US20150315612 서열번호 71
AAVhu.13	215	US20150159173 서열번호 32, US20150315612 서열번호 129
AAVhu.136.1	216	US20150315612 서열번호 165
AAVhu.140.1	217	US20150315612 서열번호 166
AAVhu.140.2	218	US20150315612 서열번호 167
AAVhu.145.6	219	US20150315612 서열번호 178
AAVhu.15	220	US20150315612 서열번호 147
AAVhu.15 (AAV33.4)	221	US20150315612 서열번호 50
AAVhu.156.1	222	US20150315612 서열번호 179
AAVhu.16	223	US20150315612 서열번호 148
AAVhu.16 (AAV33.8)	224	US20150315612 서열번호 51
AAVhu.17	225	US20150315612 서열번호 83
AAVhu.17 (AAV33.12)	226	US20150315612 서열번호 4
AAVhu.172.1	227	US20150315612 서열번호 171
AAVhu.172.2	228	US20150315612 서열번호 172
AAVhu.173.4	229	US20150315612 서열번호 173
AAVhu.173.8	230	US20150315612 서열번호 175
AAVhu.18	231	US20150315612 서열번호 52
AAVhu.18	232	US20150315612 서열번호 149
AAVhu.19	233	US20150315612 서열번호 62
AAVhu.19	234	US20150315612 서열번호 133
AAVhu.2	235	US20150315612 서열번호 48
AAVhu.2	236	US20150315612 서열번호 143
AAVhu.20	237	US20150315612 서열번호 63
AAVhu.20	238	US20150315612 서열번호 134
AAVhu.21	239	US20150315612 서열번호 65

[0746]

AAVhu.21	240	US20150315612 서열번호 135
AAVhu.22	241	US20150315612 서열번호 67
AAVhu.22	242	US20150315612 서열번호 138
AAVhu.23	243	US20150315612 서열번호 60
AAVhu.23.2	244	US20150315612 서열번호 137
AAVhu.24	245	US20150315612 서열번호 66
AAVhu.24	246	US20150315612 서열번호 136
AAVhu.25	247	US20150315612 서열번호 49
AAVhu.25	248	US20150315612 서열번호 146
AAVhu.26	249	US20150159173 서열번호 17, US20150315612 서열번호 61
AAVhu.26	250	US20150159173 서열번호 33, US20150315612 서열번호 139
AAVhu.27	251	US20150315612 서열번호 64
AAVhu.27	252	US20150315612 서열번호 140
AAVhu.28	253	US20150315612 서열번호 68
AAVhu.28	254	US20150315612 서열번호 130
AAVhu.29	255	US20150315612 서열번호 69
AAVhu.29	256	US20150159173 서열번호 42, US20150315612 서열번호 132
AAVhu.29	257	US20150315612 서열번호 225
AAVhu.29R	258	US20150159173
AAVhu.3	259	US20150315612 서열번호 44
AAVhu.3	260	US20150315612 서열번호 145
AAVhu.30	261	US20150315612 서열번호 70
AAVhu.30	262	US20150315612 서열번호 131
AAVhu.31	263	US20150315612 서열번호 1
AAVhu.31	264	US20150315612 서열번호 121
AAVhu.32	265	US20150315612 서열번호 2
AAVhu.32	266	US20150315612 서열번호 122
AAVhu.33	267	US20150315612 서열번호 75
AAVhu.33	268	US20150315612 서열번호 124
AAVhu.34	269	US20150315612 서열번호 72
AAVhu.34	270	US20150315612 서열번호 125
AAVhu.35	271	US20150315612 서열번호 73
AAVhu.35	272	US20150315612 서열번호 164
AAVhu.36	273	US20150315612 서열번호 74
AAVhu.36	274	US20150315612 서열번호 126
AAVhu.37	275	US20150159173 서열번호 34, US20150315612 서열번호 88
AAVhu.37 (AAV106.1)	276	US20150315612 서열번호 10, US20150159173 서열번호 18
AAVhu.38	277	US20150315612 서열번호 161
AAVhu.39	278	US20150315612 서열번호 102
AAVhu.39 (AAVLG-9)	279	US20150315612 서열번호 24
AAVhu.4	280	US20150315612 서열번호 47
AAVhu.4	281	US20150315612 서열번호 141
AAVhu.40	282	US20150315612 서열번호 87
AAVhu.40 (AAV114.3)	283	US20150315612 서열번호 11
AAVhu.41	284	US20150315612 서열번호 91

[0747]

AAVhu.41 (AAV127.2)	285	US20150315612 서열번호 6
AAVhu.42	286	US20150315612 서열번호 85
AAVhu.42 (AAV127.5)	287	US20150315612 서열번호 8
AAVhu.43	288	US20150315612 서열번호 160
AAVhu.43	289	US20150315612 서열번호 236
AAVhu.43 (AAV128.1)	290	US20150315612 서열번호 80
AAVhu.44	291	US20150159173 서열번호 45, US20150315612 서열번호 158
AAVhu.44 (AAV128.3)	292	US20150315612 서열번호 81
AAVhu.44R1	293	US20150159173
AAVhu.44R2	294	US20150159173
AAVhu.44R3	295	US20150159173
AAVhu.45	296	US20150315612 서열번호 76
AAVhu.45	297	US20150315612 서열번호 127
AAVhu.46	298	US20150315612 서열번호 82
AAVhu.46	299	US20150315612 서열번호 159
AAVhu.46	300	US20150315612 서열번호 224
AAVhu.47	301	US20150315612 서열번호 77
AAVhu.47	302	US20150315612 서열번호 128
AAVhu.48	303	US20150159173 서열번호 38
AAVhu.48	304	US20150315612 서열번호 157
AAVhu.48 (AAV130.4)	305	US20150315612 서열번호 78
AAVhu.48R1	306	US20150159173
AAVhu.48R2	307	US20150159173
AAVhu.48R3	308	US20150159173
AAVhu.49	309	US20150315612 서열번호 209
AAVhu.49	310	US20150315612 서열번호 189
AAVhu.5	311	US20150315612 서열번호 45
AAVhu.5	312	US20150315612 서열번호 142
AAVhu.51	313	US20150315612 서열번호 208
AAVhu.51	314	US20150315612 서열번호 190
AAVhu.52	315	US20150315612 서열번호 210
AAVhu.52	316	US20150315612 서열번호 191
AAVhu.53	317	US20150159173 서열번호 19
AAVhu.53	318	US20150159173 서열번호 35
AAVhu.53 (AAV145.1)	319	US20150315612 서열번호 176
AAVhu.54	320	US20150315612 서열번호 188
AAVhu.54 (AAV145.5)	321	US20150315612 서열번호 177
AAVhu.55	322	US20150315612 서열번호 187
AAVhu.56	323	US20150315612 서열번호 205
AAVhu.56 (AAV145.6)	324	US20150315612 서열번호 168
AAVhu.56 (AAV145.6)	325	US20150315612 서열번호 192
AAVhu.57	326	US20150315612 서열번호 206
AAVhu.57	327	US20150315612 서열번호 169
AAVhu.57	328	US20150315612 서열번호 193
AAVhu.58	329	US20150315612 서열번호 207

[0748]

AAVhu.58	330	US20150315612 서열번호 194
AAVhu.6 (AAV3.1)	331	US20150315612 서열번호 5
AAVhu.6 (AAV3.1)	332	US20150315612 서열번호 84
AAVhu.60	333	US20150315612 서열번호 184
AAVhu.60 (AAV161.10)	334	US20150315612 서열번호 170
AAVhu.61	335	US20150315612 서열번호 185
AAVhu.61 (AAV161.6)	336	US20150315612 서열번호 174
AAVhu.63	337	US20150315612 서열번호 204
AAVhu.63	338	US20150315612 서열번호 195
AAVhu.64	339	US20150315612 서열번호 212
AAVhu.64	340	US20150315612 서열번호 196
AAVhu.66	341	US20150315612 서열번호 197
AAVhu.67	342	US20150315612 서열번호 215
AAVhu.67	343	US20150315612 서열번호 198
AAVhu.7	344	US20150315612 서열번호 226
AAVhu.7	345	US20150315612 서열번호 150
AAVhu.7 (AAV7.3)	346	US20150315612 서열번호 55
AAVhu.71	347	US20150315612 서열번호 79
AAVhu.8	348	US20150315612 서열번호 53
AAVhu.8	349	US20150315612 서열번호 12
AAVhu.8	350	US20150315612 서열번호 151
AAVhu.9 (AAV3.1)	351	US20150315612 서열번호 58
AAVhu.9 (AAV3.1)	352	US20150315612 서열번호 155
AAV-LK01	353	US20150376607 서열번호 2
AAV-LK01	354	US20150376607 서열번호 29
AAV-LK02	355	US20150376607 서열번호 3
AAV-LK02	356	US20150376607 서열번호 30
AAV-LK03	357	US20150376607 서열번호 4
AAV-LK03	358	WO2015121501 서열번호 12, US20150376607 서열번호 31
AAV-LK04	359	US20150376607 서열번호 5
AAV-LK04	360	US20150376607 서열번호 32
AAV-LK05	361	US20150376607 서열번호 6
AAV-LK05	362	US20150376607 서열번호 33
AAV-LK06	363	US20150376607 서열번호 7
AAV-LK06	364	US20150376607 서열번호 34
AAV-LK07	365	US20150376607 서열번호 8
AAV-LK07	366	US20150376607 서열번호 35
AAV-LK08	367	US20150376607 서열번호 9
AAV-LK08	368	US20150376607 서열번호 36
AAV-LK09	369	US20150376607 서열번호 10
AAV-LK09	370	US20150376607 서열번호 37
AAV-LK10	371	US20150376607 서열번호 11
AAV-LK10	372	US20150376607 서열번호 38
AAV-LK11	373	US20150376607 서열번호 12
AAV-LK11	374	US20150376607 서열번호 39

[0749]

AAV-LK12	375	US20150376607 서열번호 13
AAV-LK12	376	US20150376607 서열번호 40
AAV-LK13	377	US20150376607 서열번호 14
AAV-LK13	378	US20150376607 서열번호 41
AAV-LK14	379	US20150376607 서열번호 15
AAV-LK14	380	US20150376607 서열번호 42
AAV-LK15	381	US20150376607 서열번호 16
AAV-LK15	382	US20150376607 서열번호 43
AAV-LK16	383	US20150376607 서열번호 17
AAV-LK16	384	US20150376607 서열번호 44
AAV-LK17	385	US20150376607 서열번호 18
AAV-LK17	386	US20150376607 서열번호 45
AAV-LK18	387	US20150376607 서열번호 19
AAV-LK18	388	US20150376607 서열번호 46
AAV-LK19	389	US20150376607 서열번호 20
AAV-LK19	390	US20150376607 서열번호 47
AAV-PAEC	391	US20150376607 서열번호 1
AAV-PAEC	392	US20150376607 서열번호 48
AAV-PAEC11	393	US20150376607 서열번호 26
AAV-PAEC11	394	US20150376607 서열번호 54
AAV-PAEC12	395	US20150376607 서열번호 27
AAV-PAEC12	396	US20150376607 서열번호 51
AAV-PAEC13	397	US20150376607 서열번호 28
AAV-PAEC13	398	US20150376607 서열번호 49
AAV-PAEC2	399	US20150376607 서열번호 21
AAV-PAEC2	400	US20150376607 서열번호 56
AAV-PAEC4	401	US20150376607 서열번호 22
AAV-PAEC4	402	US20150376607 서열번호 55
AAV-PAEC6	403	US20150376607 서열번호 23
AAV-PAEC6	404	US20150376607 서열번호 52
AAV-PAEC7	405	US20150376607 서열번호 24
AAV-PAEC7	406	US20150376607 서열번호 53
AAV-PAEC8	407	US20150376607 서열번호 25
AAV-PAEC8	408	US20150376607 서열번호 50
AAVpi.1	409	US20150315612 서열번호 28
AAVpi.1	410	US20150315612 서열번호 93
AAVpi.2	411	US20150315612 서열번호 30
AAVpi.2	412	US20150315612 서열번호 95
AAVpi.3	413	US20150315612 서열번호 29
AAVpi.3	414	US20150315612 서열번호 94
AAVrh.10	415	US20150159173 서열번호 9
AAVrh.10	416	US20150159173 서열번호 25
AAV44.2	417	US20030138772 서열번호 59
AAVrh.10 (AAV44.2)	418	US20030138772 서열번호 81
AAV42.1B	419	US20030138772 서열번호 90

[0750]

AAVrh.12 (AAV42.1b)	420	US20030138772 서열번호 30
AAVrh.13	421	US20150159173 서열번호 10
AAVrh.13	422	US20150159173 서열번호 26
AAVrh.13	423	US20150315612 서열번호 228
AAVrh.13R	424	US20150159173
AAV42.3A	425	US20030138772 서열번호 87
AAVrh.14 (AAV42.3a)	426	US20030138772 서열번호 32
AAV42.5A	427	US20030138772 서열번호 89
AAVrh.17 (AAV42.5a)	428	US20030138772 서열번호 34
AAV42.5B	429	US20030138772 서열번호 91
AAVrh.18 (AAV42.5b)	430	US20030138772 서열번호 29
AAV42.6B	431	US20030138772 서열번호 112
AAVrh.19 (AAV42.6b)	432	US20030138772 서열번호 38
AAVrh.2	433	US20150159173 서열번호 39
AAVrh.2	434	US20150315612 서열번호 231
AAVrh.20	435	US20150159173 서열번호 1
AAV42.10	436	US20030138772 서열번호 106
AAVrh.21 (AAV42.10)	437	US20030138772 서열번호 35
AAV42.11	438	US20030138772 서열번호 108
AAVrh.22 (AAV42.11)	439	US20030138772 서열번호 37
AAV42.12	440	US20030138772 서열번호 113
AAVrh.23 (AAV42.12)	441	US20030138772 서열번호 58
AAV42.13	442	US20030138772 서열번호 86
AAVrh.24 (AAV42.13)	443	US20030138772 서열번호 31
AAV42.15	444	US20030138772 서열번호 84
AAVrh.25 (AAV42.15)	445	US20030138772 서열번호 28
AAVrh.2R	446	US20150159173
AAVrh.31 (AAV223.1)	447	US20030138772 서열번호 48
AAVC1	448	US20030138772 서열번호 60
AAVrh.32 (AAVC1)	449	US20030138772 서열번호 19
AAVrh.32/33	450	US20150159173 서열번호 2
AAVrh.33 (AAVC3)	451	US20030138772 서열번호 20
AAVC5	452	US20030138772 서열번호 62
AAVrh.34 (AAVC5)	453	US20030138772 서열번호 21
AAVF1	454	US20030138772 서열번호 109
AAVrh.35 (AAVF1)	455	US20030138772 서열번호 22
AAVF3	456	US20030138772 서열번호 111
AAVrh.36 (AAVF3)	457	US20030138772 서열번호 23
AAVrh.37	458	US20030138772 서열번호 24
AAVrh.37	459	US20150159173 서열번호 40
AAVrh.37	460	US20150315612 서열번호 229
AAVrh.37R2	461	US20150159173
AAVrh.38 (AAVLG-4)	462	US20150315612 서열번호 7
AAVrh.38 (AAVLG-4)	463	US20150315612 서열번호 86
AAVrh.39	464	US20150159173 서열번호 20, US20150315612 서열번호 13

[0751]

AAVrh.39	465	US20150159173 서열번호 3, US20150159173 서열번호 36, US20150315612 서열번호 89
AAVrh.40	466	US20150315612 서열번호 92
AAVrh.40 (AAVLG-10)	467	US20150315612 서열번호 14
AAVrh.43 (AAVN721-8)	468	US20150315612 서열번호 43, US20150159173 서열번호 21
AAVrh.43 (AAVN721-8)	469	US20150315612 서열번호 163, US20150159173 서열번호 37
AAVrh.44	470	US20150315612 서열번호 34
AAVrh.44	471	US20150315612 서열번호 111
AAVrh.45	472	US20150315612 서열번호 41
AAVrh.45	473	US20150315612 서열번호 109
AAVrh.46	474	US20150159173 서열번호 22, US20150315612 서열번호 19
AAVrh.46	475	US20150159173 서열번호 4, US20150315612 서열번호 101
AAVrh.47	476	US20150315612 서열번호 38
AAVrh.47	477	US20150315612 서열번호 118
AAVrh.48	478	US20150159173 서열번호 44, US20150315612 서열번호 115
AAVrh.48.1	479	US20150159173
AAVrh.48.1.2	480	US20150159173
AAVrh.48.2	481	US20150159173
AAVrh.48 (AAV1-7)	482	US20150315612 서열번호 32
AAVrh.49 (AAV1-8)	483	US20150315612 서열번호 25
AAVrh.49 (AAV1-8)	484	US20150315612 서열번호 103
AAVrh.50 (AAV2-4)	485	US20150315612 서열번호 23
AAVrh.50 (AAV2-4)	486	US20150315612 서열번호 108
AAVrh.51 (AAV2-5)	487	US20150315612 서열번호 22
AAVrh.51 (AAV2-5)	488	US20150315612 서열번호 104
AAVrh.52 (AAV3-9)	489	US20150315612 서열번호 18
AAVrh.52 (AAV3-9)	490	US20150315612 서열번호 96
AAVrh.53	491	US20150315612 서열번호 97
AAVrh.53 (AAV3-11)	492	US20150315612 서열번호 17
AAVrh.53 (AAV3-11)	493	US20150315612 서열번호 186
AAVrh.54	494	US20150315612 서열번호 40
AAVrh.54	495	US20150159173 서열번호 49, US20150315612 서열번호 116
AAVrh.55	496	US20150315612 서열번호 37
AAVrh.55 (AAV4-19)	497	US20150315612 서열번호 117
AAVrh.56	498	US20150315612 서열번호 54
AAVrh.56	499	US20150315612 서열번호 152
AAVrh.57	500	US20150315612 서열번호 26
AAVrh.57	501	US20150315612 서열번호 105
AAVrh.58	502	US20150315612 서열번호 27
AAVrh.58	503	US20150159173 서열번호 48, US20150315612 서열번호 106
AAVrh.58	504	US20150315612 서열번호 232
AAVrh.59	505	US20150315612 서열번호 42
AAVrh.59	506	US20150315612 서열번호 110
AAVrh.60	507	US20150315612 서열번호 31

[0752]

AAVrh.60	508	US20150315612 서열번호 120
AAVrh.61	509	US20150315612 서열번호 107
AAVrh.61 (AAV2-3)	510	US20150315612 서열번호 21
AAVrh.62 (AAV2-15)	511	US20150315612 서열번호 33
AAVrh.62 (AAV2-15)	512	US20150315612 서열번호 114
AAVrh.64	513	US20150315612 서열번호 15
AAVrh.64	514	US20150159173 서열번호 43, US20150315612 서열번호 99
AAVrh.64	515	US20150315612 서열번호 233
AAVRh.64R1	516	US20150159173
AAVRh.64R2	517	US20150159173
AAVrh.65	518	US20150315612 서열번호 35
AAVrh.65	519	US20150315612 서열번호 112
AAVrh.67	520	US20150315612 서열번호 36
AAVrh.67	521	US20150315612 서열번호 230
AAVrh.67	522	US20150159173 서열번호 47, US20150315612 서열번호 113
AAVrh.68	523	US20150315612 서열번호 16
AAVrh.68	524	US20150315612 서열번호 100
AAVrh.69	525	US20150315612 서열번호 39
AAVrh.69	526	US20150315612 서열번호 119
AAVrh.70	527	US20150315612 서열번호 20
AAVrh.70	528	US20150315612 서열번호 98
AAVrh.71	529	US20150315612 서열번호 162
AAVrh.72	530	US20150315612 서열번호 9
AAVrh.73	531	US20150159173 서열번호 5
AAVrh.74	532	US20150159173 서열번호 6
AAVrh.8	533	US20150159173 서열번호 41
AAVrh.8	534	US20150315612 서열번호 235
AAVrh.8R	535	US20150159173, WO2015168666 서열번호 9
AAVrh.8R A586R 돌연변이체	536	WO2015168666 서열번호 10
AAVrh.8R R533A 돌연변이체	537	WO2015168666 서열번호 11
BAAV (소 AAV)	538	US9193769 서열번호 8
BAAV (소 AAV)	539	US9193769 서열번호 10
BAAV (소 AAV)	540	US9193769 서열번호 4
BAAV (소 AAV)	541	US9193769 서열번호 2
BAAV (소 AAV)	542	US9193769 서열번호 6
BAAV (소 AAV)	543	US9193769 서열번호 1
BAAV (소 AAV)	544	US9193769 서열번호 5
BAAV (소 AAV)	545	US9193769 서열번호 3
BAAV (소 AAV)	546	US9193769 서열번호 11
BAAV (소 AAV)	547	US7427396 서열번호 5
BAAV (소 AAV)	548	US7427396 서열번호 6
BAAV (소 AAV)	549	US9193769 서열번호 7
BAAV (소 AAV)	550	US9193769 서열번호 9
BNP61 AAV	551	US20150238550 서열번호 1

[0753]

BNP61 AAV	552	US20150238550 서열번호 2
BNP62 AAV	553	US20150238550 서열번호 3
BNP63 AAV	554	US20150238550 서열번호 4
염소 AAV	555	US7427396 서열번호 3
염소 AAV	556	US7427396 서열번호 4
트루 타입 AAV (ttAAV)	557	WO2015121501 서열번호 2
AAAV (조류 AAV)	558	US9238800 서열번호 12
AAAV (조류 AAV)	559	US9238800 서열번호 2
AAAV (조류 AAV)	560	US9238800 서열번호 6
AAAV (조류 AAV)	561	US9238800 서열번호 4
AAAV (조류 AAV)	562	US9238800 서열번호 8
AAAV (조류 AAV)	563	US9238800 서열번호 14
AAAV (조류 AAV)	564	US9238800 서열번호 10
AAAV (조류 AAV)	565	US9238800 서열번호 15
AAAV (조류 AAV)	566	US9238800 서열번호 5
AAAV (조류 AAV)	567	US9238800 서열번호 9
AAAV (조류 AAV)	568	US9238800 서열번호 3
AAAV (조류 AAV)	569	US9238800 서열번호 7
AAAV (조류 AAV)	570	US9238800 서열번호 11
AAAV (조류 AAV)	571	US9238800 서열번호 13
AAAV (조류 AAV)	572	US9238800 서열번호 1
AAV 셔플 100-1	573	US20160017295 서열번호 23
AAV 셔플 100-1	574	US20160017295 서열번호 11
AAV 셔플 100-2	575	US20160017295 서열번호 37
AAV 셔플 100-2	576	US20160017295 서열번호 29
AAV 셔플 100-3	577	US20160017295 서열번호 24
AAV 셔플 100-3	578	US20160017295 서열번호 12
AAV 셔플 100-7	579	US20160017295 서열번호 25
AAV 셔플 100-7	580	US20160017295 서열번호 13
AAV 셔플 10-2	581	US20160017295 서열번호 34
AAV 셔플 10-2	582	US20160017295 서열번호 26
AAV 셔플 10-6	583	US20160017295 서열번호 35
AAV 셔플 10-6	584	US20160017295 서열번호 27
AAV 셔플 10-8	585	US20160017295 서열번호 36
AAV 셔플 10-8	586	US20160017295 서열번호 28
AAV SM 100-10	587	US20160017295 서열번호 41
AAV SM 100-10	588	US20160017295 서열번호 33
AAV SM 100-3	589	US20160017295 서열번호 40
AAV SM 100-3	590	US20160017295 서열번호 32
AAV SM 10-1	591	US20160017295 서열번호 38
AAV SM 10-1	592	US20160017295 서열번호 30
AAV SM 10-2	593	US20160017295 서열번호 10
AAV SM 10-2	594	US20160017295 서열번호 22
AAV SM 10-8	595	US20160017295 서열번호 39
AAV SM 10-8	596	US20160017295 서열번호 31
AAV SM 100-10	587	US20160017295 서열번호 41
AAV SM 100-10	588	US20160017295 서열번호 33

[0754]

AAV SM 100-3	589	US20160017295 서열번호 40
AAV SM 100-3	590	US20160017295 서열번호 32
AAV SM 10-1	591	US20160017295 서열번호 38
AAV SM 10-1	592	US20160017295 서열번호 30
AAV SM 10-2	593	US20160017295 서열번호 10
AAV SM 10-2	594	US20160017295 서열번호 22
AAV SM 10-8	595	US20160017295 서열번호 39
AAV SM 10-8	596	US20160017295 서열번호 31
AAVF1/HSC1	597	WO2016049230 서열번호 20
AAVF2/HSC2	598	WO2016049230 서열번호 21
AAVF3/HSC3	599	WO2016049230 서열번호 22
AAVF4/HSC4	600	WO2016049230 서열번호 23
AAVF5/HSC5	601	WO2016049230 서열번호 25
AAVF6/HSC6	602	WO2016049230 서열번호 24
AAVF7/HSC7	603	WO2016049230 서열번호 27
AAVF8/HSC8	604	WO2016049230 서열번호 28
AAVF9/HSC9	605	WO2016049230 서열번호 29
AAVF11/HSC11	606	WO2016049230 서열번호 26
AAVF12/HSC12	607	WO2016049230 서열번호 30
AAVF13/HSC13	608	WO2016049230 서열번호 31
AAVF14/HSC14	609	WO2016049230 서열번호 32
AAVF15/HSC15	610	WO2016049230 서열번호 33
AAVF16/HSC16	611	WO2016049230 서열번호 34
AAVF17/HSC17	612	WO2016049230 서열번호 35
AAVF1/HSC1	613	WO2016049230 서열번호 2
AAVF2/HSC2	614	WO2016049230 서열번호 3
AAVF3/HSC3	615	WO2016049230 서열번호 5
AAVF4/HSC4	616	WO2016049230 서열번호 6
AAVF5/HSC5	617	WO2016049230 서열번호 11
AAVF6/HSC6	618	WO2016049230 서열번호 7
AAVF7/HSC7	619	WO2016049230 서열번호 8
AAVF8/HSC8	620	WO2016049230 서열번호 9
AAVF9/HSC9	621	WO2016049230 서열번호 10
AAVF11/HSC11	622	WO2016049230 서열번호 4
AAVF12/HSC12	623	WO2016049230 서열번호 12
AAVF13/HSC13	624	WO2016049230 서열번호 14
AAVF14/HSC14	625	WO2016049230 서열번호 15
AAVF15/HSC15	626	WO2016049230 서열번호 16
AAVF16/HSC16	627	WO2016049230 서열번호 17
AAVF17/HSC17	628	WO2016049230 서열번호 13
AAV CBr-E1	629	US8734809 서열번호 13
AAV CBr-E2	630	US8734809 서열번호 14
AAV CBr-E3	631	US8734809 서열번호 15
AAV CBr-E4	632	US8734809 서열번호 16
AAV CBr-E5	633	US8734809 서열번호 17

[0755]

AAV CBr-e5	634	US8734809 서열번호 18
AAV CBr-E6	635	US8734809 서열번호 19
AAV CBr-E7	636	US8734809 서열번호 20
AAV CBr-E8	637	US8734809 서열번호 21
AAV CLv-D1	638	US8734809 서열번호 22
AAV CLv-D2	639	US8734809 서열번호 23
AAV CLv-D3	640	US8734809 서열번호 24
AAV CLv-D4	641	US8734809 서열번호 25
AAV CLv-D5	642	US8734809 서열번호 26
AAV CLv-D6	643	US8734809 서열번호 27
AAV CLv-D7	644	US8734809 서열번호 28
AAV CLv-D8	645	US8734809 서열번호 29
AAV CLv-E1	646	US8734809 서열번호 13
AAV CLv-R1	647	US8734809 서열번호 30
AAV CLv-R2	648	US8734809 서열번호 31
AAV CLv-R3	649	US8734809 서열번호 32
AAV CLv-R4	650	US8734809 서열번호 33
AAV CLv-R5	651	US8734809 서열번호 34
AAV CLv-R6	652	US8734809 서열번호 35
AAV CLv-R7	653	US8734809 서열번호 36
AAV CLv-R8	654	US8734809 서열번호 37
AAV CLv-R9	655	US8734809 서열번호 38
AAV CLg-F1	656	US8734809 서열번호 39
AAV CLg-F2	657	US8734809 서열번호 40
AAV CLg-F3	658	US8734809 서열번호 41
AAV CLg-F4	659	US8734809 서열번호 42
AAV CLg-F5	660	US8734809 서열번호 43
AAV CLg-F6	661	US8734809 서열번호 43
AAV CLg-F7	662	US8734809 서열번호 44
AAV CLg-F8	663	US8734809 서열번호 43
AAV CSp-1	664	US8734809 서열번호 45
AAV CSp-10	665	US8734809 서열번호 46
AAV CSp-11	666	US8734809 서열번호 47
AAV CSp-2	667	US8734809 서열번호 48
AAV CSp-3	668	US8734809 서열번호 49
AAV CSp-4	669	US8734809 서열번호 50
AAV CSp-6	670	US8734809 서열번호 51
AAV CSp-7	671	US8734809 서열번호 52
AAV CSp-8	672	US8734809 서열번호 53
AAV CSp-9	673	US8734809 서열번호 54
AAV CHt-2	674	US8734809 서열번호 55
AAV CHt-3	675	US8734809 서열번호 56
AAV CKd-1	676	US8734809 서열번호 57
AAV CKd-10	677	US8734809 서열번호 58
AAV CKd-2	678	US8734809 서열번호 59

[0756]

AAV CKd-3	679	US8734809 서열번호 60
AAV CKd-4	680	US8734809 서열번호 61
AAV CKd-6	681	US8734809 서열번호 62
AAV CKd-7	682	US8734809 서열번호 63
AAV CKd-8	683	US8734809 서열번호 64
AAV CLv-1	684	US8734809 서열번호 65
AAV CLv-12	685	US8734809 서열번호 66
AAV CLv-13	686	US8734809 서열번호 67
AAV CLv-2	687	US8734809 서열번호 68
AAV CLv-3	688	US8734809 서열번호 69
AAV CLv-4	689	US8734809 서열번호 70
AAV CLv-6	690	US8734809 서열번호 71
AAV CLv-8	691	US8734809 서열번호 72
AAV CKd-B1	692	US8734809 서열번호 73
AAV CKd-B2	693	US8734809 서열번호 74
AAV CKd-B3	694	US8734809 서열번호 75
AAV CKd-B4	695	US8734809 서열번호 76
AAV CKd-B5	696	US8734809 서열번호 77
AAV CKd-B6	697	US8734809 서열번호 78
AAV CKd-B7	698	US8734809 서열번호 79
AAV CKd-B8	699	US8734809 서열번호 80
AAV CKd-H1	700	US8734809 서열번호 81
AAV CKd-H2	701	US8734809 서열번호 82
AAV CKd-H3	702	US8734809 서열번호 83
AAV CKd-H4	703	US8734809 서열번호 84
AAV CKd-H5	704	US8734809 서열번호 85
AAV CKd-H6	705	US8734809 서열번호 77
AAV CHt-1	706	US8734809 서열번호 86
AAV CLv1-1	707	US8734809 서열번호 171
AAV CLv1-2	708	US8734809 서열번호 172
AAV CLv1-3	709	US8734809 서열번호 173
AAV CLv1-4	710	US8734809 서열번호 174
AAV Clv1-7	711	US8734809 서열번호 175
AAV Clv1-8	712	US8734809 서열번호 176
AAV Clv1-9	713	US8734809 서열번호 177
AAV Clv1-10	714	US8734809 서열번호 178
AAV.VR-355	715	US8734809 서열번호 181
AAV.hu.48R3	716	US8734809 서열번호 183
AAV CBr-E1	717	US8734809 서열번호 87
AAV CBr-E2	718	US8734809 서열번호 88
AAV CBr-E3	719	US8734809 서열번호 89
AAV CBr-E4	720	US8734809 서열번호 90
AAV CBr-E5	721	US8734809 서열번호 91
AAV CBr-e5	722	US8734809 서열번호 92
AAV CBr-E6	723	US8734809 서열번호 93

[0757]

AAV CBr-E7	724	US8734809 서열번호 94
AAV CBr-E8	725	US8734809 서열번호 95
AAV CLv-D1	726	US8734809 서열번호 96
AAV CLv-D2	727	US8734809 서열번호 97
AAV CLv-D3	728	US8734809 서열번호 98
AAV CLv-D4	729	US8734809 서열번호 99
AAV CLv-D5	730	US8734809 서열번호 100
AAV CLv-D6	731	US8734809 서열번호 101
AAV CLv-D7	732	US8734809 서열번호 102
AAV CLv-D8	733	US8734809 서열번호 103
AAV CLv-E1	734	US8734809 서열번호 87
AAV CLv-R1	735	US8734809 서열번호 104
AAV CLv-R2	736	US8734809 서열번호 105
AAV CLv-R3	737	US8734809 서열번호 106
AAV CLv-R4	738	US8734809 서열번호 107
AAV CLv-R5	739	US8734809 서열번호 108
AAV CLv-R6	740	US8734809 서열번호 109
AAV CLv-R7	741	US8734809 서열번호 110
AAV CLv-R8	742	US8734809 서열번호 111
AAV CLv-R9	743	US8734809 서열번호 112
AAV CLg-F1	744	US8734809 서열번호 113
AAV CLg-F2	745	US8734809 서열번호 114
AAV CLg-F3	746	US8734809 서열번호 115
AAV CLg-F4	747	US8734809 서열번호 116
AAV CLg-F5	748	US8734809 서열번호 117
AAV CLg-F6	749	US8734809 서열번호 117
AAV CLg-F7	750	US8734809 서열번호 118
AAV CLg-F8	751	US8734809 서열번호 117
AAV CSp-1	752	US8734809 서열번호 119
AAV CSp-10	753	US8734809 서열번호 120
AAV CSp-11	754	US8734809 서열번호 121
AAV CSp-2	755	US8734809 서열번호 122
AAV CSp-3	756	US8734809 서열번호 123
AAV CSp-4	757	US8734809 서열번호 124
AAV CSp-6	758	US8734809 서열번호 125
AAV CSp-7	759	US8734809 서열번호 126
AAV CSp-8	760	US8734809 서열번호 127
AAV CSp-9	761	US8734809 서열번호 128
AAV CHt-2	762	US8734809 서열번호 129
AAV CHt-3	763	US8734809 서열번호 130
AAV CKd-1	764	US8734809 서열번호 131
AAV CKd-10	765	US8734809 서열번호 132
AAV CKd-2	766	US8734809 서열번호 133
AAV CKd-3	767	US8734809 서열번호 134
AAV CKd-4	768	US8734809 서열번호 135

[0758]

AAV CKd-6	769	US8734809 서열번호 136
AAV CKd-7	770	US8734809 서열번호 137
AAV CKd-8	771	US8734809 서열번호 138
AAV CLv-1	772	US8734809 서열번호 139
AAV CLv-12	773	US8734809 서열번호 140
AAV CLv-13	774	US8734809 서열번호 141
AAV CLv-2	775	US8734809 서열번호 142
AAV CLv-3	776	US8734809 서열번호 143
AAV CLv-4	777	US8734809 서열번호 144
AAV CLv-6	778	US8734809 서열번호 145
AAV CLv-8	779	US8734809 서열번호 146
AAV CKd-B1	780	US8734809 서열번호 147
AAV CKd-B2	781	US8734809 서열번호 148
AAV CKd-B3	782	US8734809 서열번호 149
AAV CKd-B4	783	US8734809 서열번호 150
AAV CKd-B5	784	US8734809 서열번호 151
AAV CKd-B6	785	US8734809 서열번호 152
AAV CKd-B7	786	US8734809 서열번호 153
AAV CKd-B8	787	US8734809 서열번호 154
AAV CKd-H1	788	US8734809 서열번호 155
AAV CKd-H2	789	US8734809 서열번호 156
AAV CKd-H3	790	US8734809 서열번호 157
AAV CKd-H4	791	US8734809 서열번호 158
AAV CKd-H5	792	US8734809 서열번호 159
AAV CKd-H6	793	US8734809 서열번호 151
AAV CHt-1	794	US8734809 서열번호 160
AAV CHt-P2	795	WO2016065001 서열번호 1
AAV CHt-P5	796	WO2016065001 서열번호 2
AAV CHt-P9	797	WO2016065001 서열번호 3
AAV CBr-7.1	798	WO2016065001 서열번호 4
AAV CBr-7.2	799	WO2016065001 서열번호 5
AAV CBr-7.3	800	WO2016065001 서열번호 6
AAV CBr-7.4	801	WO2016065001 서열번호 7
AAV CBr-7.5	802	WO2016065001 서열번호 8
AAV CBr-7.7	803	WO2016065001 서열번호 9
AAV CBr-7.8	804	WO2016065001 서열번호 10
AAV CBr-7.10	805	WO2016065001 서열번호 11
AAV CKd-N3	806	WO2016065001 서열번호 12
AAV CKd-N4	807	WO2016065001 서열번호 13
AAV CKd-N9	808	WO2016065001 서열번호 14
AAV CLv-L4	809	WO2016065001 서열번호 15
AAV CLv-L5	810	WO2016065001 서열번호 16
AAV CLv-L6	811	WO2016065001 서열번호 17
AAV CLv-K1	812	WO2016065001 서열번호 18
AAV CLv-K3	813	WO2016065001 서열번호 19

[0759]

AAV CLv-K6	814	WO2016065001 서열번호 20
AAV CLv-M1	815	WO2016065001 서열번호 21
AAV CLv-M11	816	WO2016065001 서열번호 22
AAV CLv-M2	817	WO2016065001 서열번호 23
AAV CLv-M5	818	WO2016065001 서열번호 24
AAV CLv-M6	819	WO2016065001 서열번호 25
AAV CLv-M7	820	WO2016065001 서열번호 26
AAV CLv-M8	821	WO2016065001 서열번호 27
AAV CLv-M9	822	WO2016065001 서열번호 28
AAV CHt-P1	823	WO2016065001 서열번호 29
AAV CHt-P6	824	WO2016065001 서열번호 30
AAV CHt-P8	825	WO2016065001 서열번호 31
AAV CHt-6.1	826	WO2016065001 서열번호 32
AAV CHt-6.10	827	WO2016065001 서열번호 33
AAV CHt-6.5	828	WO2016065001 서열번호 34
AAV CHt-6.6	829	WO2016065001 서열번호 35
AAV CHt-6.7	830	WO2016065001 서열번호 36
AAV CHt-6.8	831	WO2016065001 서열번호 37
AAV CSp-8.10	832	WO2016065001 서열번호 38
AAV CSp-8.2	833	WO2016065001 서열번호 39
AAV CSp-8.4	834	WO2016065001 서열번호 40
AAV CSp-8.5	835	WO2016065001 서열번호 41
AAV CSp-8.6	836	WO2016065001 서열번호 42
AAV CSp-8.7	837	WO2016065001 서열번호 43
AAV CSp-8.8	838	WO2016065001 서열번호 44
AAV CSp-8.9	839	WO2016065001 서열번호 45
AAV CBr-B7.3	840	WO2016065001 서열번호 46
AAV CBr-B7.4	841	WO2016065001 서열번호 47
AAV3B	842	WO2016065001 서열번호 48
AAV4	843	WO2016065001 서열번호 49
AAV5	844	WO2016065001 서열번호 50
AAV CHt-P2	845	WO2016065001 서열번호 51
AAV CHt-P5	846	WO2016065001 서열번호 52
AAV CHt-P9	847	WO2016065001 서열번호 53
AAV CBr-7.1	848	WO2016065001 서열번호 54
AAV CBr-7.2	849	WO2016065001 서열번호 55
AAV CBr-7.3	850	WO2016065001 서열번호 56
AAV CBr-7.4	851	WO2016065001 서열번호 57
AAV CBr-7.5	852	WO2016065001 서열번호 58
AAV CBr-7.7	853	WO2016065001 서열번호 59
AAV CBr-7.8	854	WO2016065001 서열번호 60
AAV CBr-7.10	855	WO2016065001 서열번호 61
AAV CKd-N3	856	WO2016065001 서열번호 62
AAV CKd-N4	857	WO2016065001 서열번호 63
AAV CKd-N9	858	WO2016065001 서열번호 64

[0760]

AAV CLv-L4	859	WO2016065001 서열번호 65
AAV CLv-L5	860	WO2016065001 서열번호 66
AAV CLv-L6	861	WO2016065001 서열번호 67
AAV CLv-K1	862	WO2016065001 서열번호 68
AAV CLv-K3	863	WO2016065001 서열번호 69
AAV CLv-K6	864	WO2016065001 서열번호 70
AAV CLv-M1	865	WO2016065001 서열번호 71
AAV CLv-M11	866	WO2016065001 서열번호 72
AAV CLv-M2	867	WO2016065001 서열번호 73
AAV CLv-M5	868	WO2016065001 서열번호 74
AAV CLv-M6	869	WO2016065001 서열번호 75
AAV CLv-M7	870	WO2016065001 서열번호 76
AAV CLv-M8	871	WO2016065001 서열번호 77
AAV CLv-M9	872	WO2016065001 서열번호 78
AAV CHt-P1	873	WO2016065001 서열번호 79
AAV CHt-P6	874	WO2016065001 서열번호 80
AAV CHt-P8	875	WO2016065001 서열번호 81
AAV CHt-6.1	876	WO2016065001 서열번호 82
AAV CHt-6.10	877	WO2016065001 서열번호 83
AAV CHt-6.5	878	WO2016065001 서열번호 84
AAV CHt-6.6	879	WO2016065001 서열번호 85
AAV CHt-6.7	880	WO2016065001 서열번호 86
AAV CHt-6.8	881	WO2016065001 서열번호 87
AAV CSp-8.10	882	WO2016065001 서열번호 88
AAV CSp-8.2	883	WO2016065001 서열번호 89
AAV CSp-8.4	884	WO2016065001 서열번호 90
AAV CSp-8.5	885	WO2016065001 서열번호 91
AAV CSp-8.6	886	WO2016065001 서열번호 92
AAV CSp-8.7	887	WO2016065001 서열번호 93
AAV CSp-8.8	888	WO2016065001 서열번호 94
AAV CSp-8.9	889	WO2016065001 서열번호 95
AAV CBr-B7.3	890	WO2016065001 서열번호 96
AAV CBr-B7.4	891	WO2016065001 서열번호 97
AAV3B	892	WO2016065001 서열번호 98
AAV4	893	WO2016065001 서열번호 99
AAV5	894	WO2016065001 서열번호 100
AAVPHP.B 또는 G2B-26	895	WO2015038958 서열번호 8 및 13; GenBankALU85156.1
AAVPHP.B	896	WO2015038958 서열번호 9
AAVG2B-13	897	WO2015038958 서열번호 12
AAVTH1.1-32	898	WO2015038958 서열번호 14
AAVTH1.1-35	899	WO2015038958 서열번호 15

[0761]

[0762] 표 4에 나열된 각각의 특허, 특허출원 및/또는 공개공보는 이의 전체가 본원에 참조로써 포함된다.

[0763] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, AAV9(WO2015038958의 서열번호 2 및 11 또는 본원에서 각각 서열번호 153 및 154), PHP.B(WO2015038958의 서열번호 8 및 9, 본원에서 서열번호 895 및 896), G2B-13(WO2015038958의 서열번호 12, 본원에서 서열번호 897), G2B-26(WO2015038958의 서열번호 13, 본원에서 서열번호 895 및 896), TH1.1-32(WO2015038958의 서열번호 14, 본원에서 서열번호 898), TH1.1-35(WO2015038958의 서열번호 15, 본원에서 서열번호 899), 또는 이의 변이체와 같은, 국제특허공개 제WO20151038958호(이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 서열이거나 이를 가질 수 있다. 추가로, WO2015038958에 기술된 임의의 표적화 펩티드 또는 아미노산 삽입체는, 비제한적으로, AAV9(DNA 서열을 위한 서열번호 153 및 아미노산 서열을 위한 서열번호 154)와 같은, 임의의 모(parent) AAV 혈청형에 삽입될 수 있다. 하나의 구현예에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV(예컨대, AAV9)의 아미노산 586-592 사이에 삽입된다. 또 다른 구현예에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV 서열의 아미노산 588-589 사이에 삽입된다. 아미노산 삽입체는, 비제한적으로, 임의의 하기 아미노산 서열일 수 있다: TLAVPFK(WO2015038958의 서열번호 1; 본원에서 서열번호 900), KFPVALT(WO2015038958의 서열번호 3; 본원에서 서열번호 901), LAVPFK(WO2015038958의 서열번호 31; 본원에서 서열번호 902), AVPFK(WO2015038958의 서열번호 32; 본원에서 서열번호 903), VPFK(WO2015038958의 서열번호 33; 본원에서 서열번호 904), TLAVPF(WO2015038958의 서열번호 34; 본원에서 서열번호 905), TLAVP(WO2015038958의 서열번호 35; 본원에서 서열번호 906), TLAV(WO2015038958의 서열번호 36; 본원에서 서열번호 907),

SVSKPFL(WO2015038958의 서열번호 28; 본원에서 서열번호 908), FTLTTPK(WO2015038958의 서열번호 29; 본원에서 서열번호 909), MNATKNV(WO2015038958의 서열번호 30; 본원에서 서열번호 910), QSSQTPR(WO2015038958의 서열번호 54; 본원에서 서열번호 911), ILGTGTS(WO2015038958의 서열번호 55; 본원에서 서열번호 912), TRTNPEA(WO2015038958의 서열번호 56; 본원에서 서열번호 913), NGGTSSS(WO2015038958의 서열번호 58; 본원에서 서열번호 914), 또는 YTLSQGW(WO2015038958의 서열번호 60; 본원에서 서열번호 915). 아미노산 삽입체를 암호화할 수 있는 뉴클레오티드 서열의 비제한적인 예는 다음을 포함한다: AAGTTTCCTGTGGCGTTGACT(WO2015038958의 서열번호 3용; 본원에서 서열번호 916), ACTTTGGCGGTGCCTTTTAAG(WO2015038958의 서열번호 24 및 49; 본원에서 서열번호 917), AGTGTGAGTAAGCCTTTTTTG(WO2015038958의 서열번호 25; 본원에서 서열번호 918), TTTACGTTGACGACGCCTAAG(WO2015038958의 서열번호 26; 본원에서 서열번호 919), ATGAATGCTACGAAGAATGTG(WO2015038958의 서열번호 27; 본원에서 서열번호 920), CAGTCGTCGCAGACGCCTAGG(WO2015038958의 서열번호 48; 본원에서 서열번호 921), ATTCTGGGGACTGGTACTTCG(WO2015038958의 서열번호 50 및 52; 본원에서 서열번호 922), ACGCGGACTAATCCTGAGGCT(WO2015038958의 서열번호 51; 본원에서 서열번호 923), AATGGGGGGACTAGTAGTTCT(WO2015038958의 서열번호 53; 본원에서 서열번호 924), 또는 TATACTTTGTCGCAGGGTTGG(WO2015038958의 서열번호 59; 본원에서 서열번호 925).

[0764] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 적어도 하나의 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 포함하도록 조작될 수 있다. Hui 등(Molecular Therapy - Methods & Clinical Development (2015) 2, 15029 doi:10.1038/mtm.2015.29; 이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)은 AAV1 및 AAV2를 위한 AAV 캡시드-특이적 CD8+ T-세포 에피토프를 확인하였다(예컨대, 문헌의 표 2 참조). 비제한적인 예로서, 캡시드-특이적 CD8+ T-세포 에피토프는 AAV2 혈청형을 위한 것일 수 있다. 비제한적인 예로서, 캡시드-특이적 CD8+ T-세포 에피토프는 AAV1 혈청형을 위한 것일 수 있다.

[0765] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, SADNNNSEY(서열번호 926), LIDQYLYYL(서열번호 927), VPQYGYLTL(서열번호 928), TTSTRTWAL(서열번호 929), YHLNGRDSL(서열번호 930), SQAVGRSSF(서열번호 931), VPANPSTTF(서열번호 932), FPQSGVLIF(서열번호 933), YFDFNRFHCHFSPRD(서열번호 934), VGNSSGNWHCDSTWM(서열번호 935), QFSQAGASDIRDQSR(서열번호 936), GASDIRQSRNWLP(서열번호 937) 및 GNRQAATADVNTQGV(서열번호 938)와 같은, AAV2를 위한 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 적어도 하나 포함하도록 조작될 수 있다.

[0766] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은, 비제한적으로, LDRLMNPLI(서열번호 939), TTSTRTWAL(서열번호 929), 및 QPAKKRLNF(서열번호 940)와 같은, AAV1을 위한 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 적어도 하나 포함하도록 조작될 수 있다.

[0767] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형 내 포함을 위한 펩티드는, Hui 등(Molecular Therapy - Methods & Clinical Development (2015) 2, 15029 doi:10.1038/mtm.2015.29; 이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 의해 기술된 방법을 사용하여 확인될 수 있다. 비제한적인 예로서, 절차는, 인간 비장세포의 단리, AAV 캡시드 단백질의 아미노산 서열을 포괄하는 개별적 펩티드를 사용한 시험관내에서의 비장세포의 재자극(restimulating), 시험관내 재자극을 위해 사용된 개별적 펩티드와 함께 IFN-감마 ELISpot, IFN-감마 ELISpot에 의해 확인된 15-mers의 HLA 제한을 결정하기 위한 생물정보학 분석, 주어진 HLA 대립유전자(allele)를 위한 후보 반응성 9-mer 에피토프의 확인, 후보 9-mers 합성, 확인된 AAV 에피토프가 결합할 것으로 예측되는 HLA 대립유전자를 갖고 있는 대상체로부터의 비장세포의 제2 IFN-감마 ELISpot 스크리닝, AAV 캡시드-반응성 CD8+ T 세포 에피토프의 결정 및 주어진 AAV 에피토프에 반응하는 대상체의 빈도수 결정을 포함한다.

[0768] 하나의 구현예에서, AAV는, Deverman 등(Nature Biotechnology 34(2):204-209 (2016), 이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 의해 기술된 Cre-재조합-기반 AAV 표적화된 진화(CREATE)에 의해 생성된 혈청형일 수 있다. 하나의 구현예에서, 이 방식으로 생성된 AAV 혈청형은, 다른 AAV 혈청형과 비교하여, 개선된 CNS 형질도입 및/또는 뉴런 및 성상세포 향성(tropism)을 갖는다. 비제한적인 예로서, AAV 혈청형은 PHP.B, PHP.B2, PHP.B3, PHP.A, G2A12, G2A15일 수 있다. 하나의 구현예에서, 이러한 AAV 혈청형은 아미노산 588-589 사이에 7-아미노산 삽입체를 갖는 AAV9(서열번호 153 및 154) 유도체일 수 있다. 이러한 7-아미노산 삽입체의 비제한적인 예는 TLAVPFK(서열번호 900), SVSKPFL(서열번호 908), FTLTTPK(서열번호 909), YTLSQGW(서열번호 915), QAVRTSL(서열번호 941) 및/또는 LAKERLS(서열번호 942)를 포함한다.

[0769] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 Jackson 등(Frontiers in Molecular Neuroscience 9:154 (2016), 이의 내용 전체가 본원에 참조로써 포함됨)에 기술된 바와 같을 수 있다. 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 PHP.B 또는 AAV9

이다. 일부 구현예에서, AAV 혈청형은, 더 흔한(ubiquitous) 프로모터가 사용된 경우와 비교하여(즉, CBA 또는 CMV), 뉴런 형질도입을 향상시키기 위해 시냅신 프로모터와 쌍을 이룬다.

[0770] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형 내 포함을 위한 펩티드는, 인간 비장세포의 단리, AAV 캡시드 단백질의 아미노산 서열을 포괄하는 개별적 펩티드를 사용한 시험관내에서의 비장세포의 재자극, 시험관내 재자극을 위해 사용된 개별적 펩티드와 함께 IFN-감마 ELISpot, IFN-감마 ELISpot에 의해 확인된 15-mers의 주어진 대립유전자 제한을 결정하기 위한 생물정보학 분석, 주어진 대립유전자를 위한 후보 반응성 9-mer 에피토프의 확인, 후보 9-mers 합성, 확인된 AAV 에피토프가 결합할 것으로 예측되는 특정 대립유전자를 갖고 있는 대상체로부터의 비장세포의 제2 IFN-감마 ELISpot 스크리닝, AAV 캡시드-반응성 CD8+ T 세포 에피토프의 결정 및 주어진 AAV 에피토프에 반응하는 대상체의 빈도수 결정에 의해 확인될 수 있다.

[0771] siRNA 분자를 위한 아미노산 서열을 포함하는 AAV 벡터는, 비제한적으로, AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8, AAV-DJ, AAV-PHP.A, 및/또는 AAV-PHP.B를 비롯한, AAV의 다양한 혈청형으로부터 제조되거나 유도될 수 있다. 일부 경우에서, 상이한 혈청형의 AAV가 함께 혼합되거나 다른 종류의 바이러스와 혼합되어 키메라 AAV 벡터를 생산할 수 있다. 비제한적인 예로서, AAV 벡터는 AAV9 혈청형으로부터 유도된다.

[0772] *바이러스 게놈 성분: 역위 말단 반복(ITR)*

[0773] 본 발명의 AAV 입자는 적어도 하나의 ITR 영역 및 탑재물 영역을 갖는 바이러스 게놈을 포함한다. 하나의 구현예에서, 바이러스 게놈은 두 개의 ITR을 갖는다. 이들 두 ITR은 5' 및 3' 말단에서 탑재물 영역의 양 옆에 위치한다. ITR은 복제를 위한 인식 부위를 포함하는 복제 기점으로서 기능한다. ITR은 상보적이고 대칭적으로 배열될 수 있는 서열 영역을 포함한다. 본 발명의 바이러스 게놈에 통합된 ITR은 자연적으로 발생한 폴리뉴클레오티드 서열 또는 재조합으로 유도된 폴리뉴클레오티드 서열로 구성될 수 있다.

[0774] ITR은, 표 6에 나열된 혈청형 중 임의의 것으로부터 선택된, 캡시드와 동일한 혈청형 또는 이의 유도체로부터 유도될 수 있다. ITR은 캡시드와는 상이한 혈청형일 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV 입자는 하나 이상의 ITR을 갖는다. 비제한적인 예로서, AAV 입자는 두 개의 ITR을 포함하는 바이러스 게놈을 갖는다. 하나의 구현예에서, ITR은 서로 동일한 혈청형이다. 또 다른 구현예에서, ITR은 상이한 혈청형이다. 비제한적인 예는 캡시드와 동일한 혈청형을 갖는 ITR을 0개, 1개 또는 2개 포함한다. 하나의 구현예에서, AAV 입자의 바이러스 게놈의 두 ITR은 AAV2 ITR이다.

[0775] 독립적으로, 각 ITR은 길이가 약 100 내지 약 150 뉴클레오티드일 수 있다. ITR은 길이가 약 100-105 뉴클레오티드, 길이가 106-110 뉴클레오티드, 길이가 111-115 뉴클레오티드, 길이가 116-120 뉴클레오티드, 길이가 121-125 뉴클레오티드, 길이가 126-130 뉴클레오티드, 길이가 131-135 뉴클레오티드, 길이가 136-140 뉴클레오티드, 길이가 141-145 뉴클레오티드, 또는 길이가 146-150 뉴클레오티드일 수 있다. 하나의 구현예에서, ITR은 길이가 140-142 뉴클레오티드이다. ITR 길이의 비제한적인 예는 102, 140, 141, 142, 145 뉴클레오티드 길이이고, 이들은 적어도 95% 동일성을 갖는다.

[0776] 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터의 플립(flip) ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터의 플립 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터의 플랍(flop) ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터의 플랍 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터의 플립 ITR의 5' 말단과 플랍 ITR의 3' 말단 사이에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터의 플립 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이(예컨대, 플립 ITR의 5' 말단과 플랍 ITR의 3' 말단 사이, 또는 플랍 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이의 중간 지점)에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 하류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지

30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 하류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오티드 이내의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 ITR(예컨대, 플립 또는 플랍 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25%, 또는 20 내지 25%의 하류에 위치할 수 있다.

[0777] *바이러스 게놈 구성원: 프로모터*

[0778] 당업자는, 표적 세포가 비제한적으로 종 특이적, 유도성, 조직-특이적 또는 세포 주기-특이적인 프로모터를 포함하는 특이적 프로모터를 필요로 할 수 있음을 알 수 있다(Parr 등., *Nat. Med.*3:1145-9 (1997); 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0779] 하나의 구현예에서, 프로모터는 조절성 폴리뉴클레오티드의 발현을 구동하는데 효율적이라고 여겨지는 프로모터이다.

[0780] 하나의 구현예에서, 프로모터는 표적된 세포에 대한 향성(tropism)을 갖는 프로모터이다.

[0781] 하나의 구현예에서, 프로모터는 표적화된 조직, 예컨대, 비제한적으로 신경계 조직에서 일정 기간 동안 탑재물, 예를 들면 조절성 폴리뉴클레오티드, 예를 들면 siRNA 또는 dsRNA의 발현을 제공하는 약한 프로모터이다. 발현은 1시간, 2시간, 3시간, 4시간, 5시간, 6시간, 7시간, 8시간, 9시간, 10시간, 11시간, 12시간, 13시간, 14시간, 15시간, 16시간, 17시간, 18시간, 19시간, 20시간, 21시간, 22시간, 23시간, 1일, 2일, 3일, 4일, 5일, 6일, 1주, 8일, 9일, 10일, 11일, 12일, 13일, 2주, 15일, 16일, 17일, 18일, 19일, 20일, 3주, 22일, 23일, 24일, 25일, 26일, 27일, 28일, 29일, 30일, 31일, 1개월, 2개월, 3개월, 4개월, 5개월, 6개월, 7개월, 8개월, 9개월, 10개월, 11개월, 1년, 13개월, 14개월, 15개월, 16개월, 17개월, 18개월, 19개월, 20개월, 21개월, 22개월, 23개월, 2년, 3년, 4년, 5년, 6년, 7년, 8년, 9년, 10년 또는 10년 초과의 기간일 수 있다. 발현은 1 내지 5 시간, 1 내지 12 시간, 1 내지 2 일, 1 내지 5 일, 1 내지 2 주, 1 내지 3 주, 1 내지 4 주, 1 내지 2 개월, 1 내지 4 개월, 1 내지 6 개월, 2 내지 6 개월, 3 내지 6 개월, 3 내지 9 개월, 4 내지 8 개월, 6 내지 12 개월, 1 내지 2 년, 1 내지 5 년, 2 내지 5 년, 3 내지 6 년, 3 내지 8 년, 4 내지 8 년 또는 5 내지 10 년 동안일 수 있다. 비제한적인 예로서, 프로모터는, 신경계 조직에서 탑재물의 지속적인 발현을 위한 약한 프로모터이다.

[0782] 하나의 구현예에서, 프로모터는 1 kb 미만의 프로모터일 수 있다. 프로모터는 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800 또는 800 초과의 길이를 가질 수 있다. 프로모터는 200 내지 300, 200 내지 400, 200 내지 500, 200 내지 600, 200 내지 700, 200 내지 800, 300 내지 400, 300 내지 500, 300 내지 600, 300 내지 700, 300 내지 800, 400 내지 500, 400 내지 600, 400 내지 700, 400 내지 800, 500 내지 600, 500 내지 700, 500 내지 800, 600 내지 700, 600 내지 800 또는 700 내지 800의 길이를 가질 수 있다.

[0783] 하나의 구현예에서, 프로모터는 2개 이상의 구성요소, 예컨대 비제한적으로 CMV 및 CBA의 조합일 수 있다. 각 구성요소는 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800 또는 800 초과의 길이를 가질 수 있다. 각 구성요소는 200 내지 300, 200 내지 400, 200 내지 500, 200 내지 600, 200 내지 700, 200 내지 800, 300 내지 400, 300 내지 500, 300 내지 600, 300 내지 700, 300 내지 800, 400 내지 500, 400 내지 600, 400 내지 700, 400 내지 800, 500 내지 600, 500 내지 700, 500 내지 800, 600 내지 700, 600 내지 800 또는 700 내지 800의 길이를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, 프로모터는 382 뉴클레오티드의 CMV-인핸서 서열 및 260 뉴클레오티

드의 CBA-프로모터 서열의 조합이다.

[0784] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 표적 특이성 및 발현을 향상시키기 위한 하나 이상의 요소(예컨대, Powell 등, *Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy*, 2015; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨). 전이유전자의 표적 특이성 및 발현을 향상시키기 위한 요소의 비제한적인 예는, 프로모터, 내인성 miRNA, 전사 후 조절성 요소(RPE), 아데닐산중합반응(폴리 A) 신호 서열 및 상류 인핸서(USE), CMV 인핸서 및 인트론을 포함한다.

[0785] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 표적 특이성 및 발현을 향상시키기 위한 하나 이상의 요소(예컨대, Powell 등, *Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy*, 2015; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨) 예컨대, 프로모터를 포함한다.

[0786] 대부분의 조직에서 발현을 촉진하는 프로모터는, 비제한적으로 인간 신장 인자 1α-서브유닛(EF1α), 전초기 사이토메갈로바이러스(CMV), 닭 β-액틴(CBA) 및 이의 유도체 CAG, β 글루쿠로니다제(GUSB), 또는 유비퀴틴 C(UBC)를 포함한다. 조직-특이적인 발현 요소는, 비제한적으로, 발현을 뉴런, 성상세포 또는 희돌기교세포로 제한하기 위해 사용될 수 있는 신경계 프로모터와 같이 발현을 특정 세포 유형으로 제한하기 위해 사용될 수 있다. 뉴런에 대한 조직-특이적인 발현 요소의 비제한적인 예는, 뉴런-특이적 에놀라제(NSE), 혈소판-유래 성장 인자(PDGF), 혈소판-유래 성장 인자 B-쇄(PDGF-β), 시냅신(Syn), 메틸-CpG 결합 단백질 2(MeCP2), CaMKII, mGluR2, NFL, NFH, nβ2, PPE, Enk 및 EAAT2 프로모터를 포함한다. 성상세포에 대한 조직-특이적인 발현 요소의 비제한적인 예는, 신경교섬유질산성단백질(GFAP) 및 EAAT2 프로모터를 포함한다. 희돌기교세포에 대한 조직-특이적인 발현 요소의 비제한적인 예로는 수초염기성 단백질(MBP) 프로모터가 포함된다.

[0787] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 유비퀴틴성 프로모터를 포함한다. 유비퀴틴성 프로모터의 비제한적인 예는, H1, U6, CMV, CBA(유도체 CAG, CBh 등 포함), EF-1α, PGK, UBC, GUSB(hGBp), 및 UCOE(HNRPA2B1-CBX3 프로모터)를 포함한다. Yu 등(Molecular Pain 2011, 7:63; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)은, 랫트 DRG 세포 및 일차 DRG 세포에서 렌티바이러스 벡터를 사용하여 CAG, EFIα, PGK 및 UBC 프로모터 하에 eGFP의 발현을 평가하였고, UBC가 다른 3개의 프로모터에 비해 보다 약한 발현을 보임을 발견하였고, 모든 프로모터에서 단지 10 내지 12%의 신경교세포가 발현함을 발견하였다. Soderblom 등(E. Neuro 2015; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)은, CMV 및 UBC 프로모터를 가진 AAV8 및 운동 피질에서 주사 후 CMV 프로모터를 가진 AAV2에서의 eGFP의 발현을 평가하였다. UBC 또는 EFIα프로모터를 함유하는 플라스미드의 비강내 투여는, CMV 프로모터에 의한 발현에 비해 보다 큰 지속적인 기도 발현을 나타냈다(예컨대, Gill 등, Gene Therapy 2001, Vol. 8, 1539-1546; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨). Husain 등(Gene Therapy 2009; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)은, hGUSB 프로모터, HSV-1LAT 프로모터 및 NSE 프로모터를 가진 HβH 작제물을 평가하였고, 마우스 뇌에서 HβH 작제물이 NSE에 비해 보다 약한 발현을 보임을 발견하였다. Passini 및 Wolfe(J. Virol. 2001, 12382-12392, 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)은, 신생 마우스에 뇌실내 주사 후 HβH 벡터의 장기 효과를 평가하였고, 1년 이상 동안 지속적으로 발현함을 발견하였다. CMV-lacZ, CMV-luc, EF, GFAP, hENK, nAChR, PPE, PPE + wpre, NSE(0.3 kb), NSE(1.8 kb) 및 NSE(1.8 kb + wpre)와 비교하여 NF-L 및 NF-H 프로모터가 사용되었을 때, 모든 뇌 영역에서의 낮은 발현이 Xu 등(Gene Therapy 2001, 8, 1323-1332; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 의해 발견되었다. Xu 등은 프로모터 활성이 내림차순으로 NSE(1.8 kb), EF, NSE(0.3 kb), GFAP, CMV, hENK, PPE, NFL 및 NFH임을 발견하였다. NFL은 650 뉴클레오티드 프로모터이고, NFH는 920 뉴클레오티드 프로모터이고, 둘 모두는 간에는 없지만 NFH는 감각 자기수용(proprioceptive) 뉴런, 뇌 및 척수에 풍부하고, NFH는 심장에 존재한다. Scn8a는 470 뉴클레오티드 프로모터이고 이는 DRG, 척수 및 뇌를 통해 발현되고, 해마 뉴런 및 소뇌 푸르키네 세포, 피질, 시상 및 시상하부에서 특히 높은 발현을 보인다(예컨대 Drews 등. 2007 및 Raymond 등. 2004 참조; 각 내용의 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0788] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 UBC 프로모터를 포함한다. UBC 프로모터는 300 내지 350 뉴클레오티드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, UBC 프로모터는 332 뉴클레오티드이다.

[0789] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 GUSB 프로모터를 포함한다. GUSB 프로모터는 350 내지 400 뉴클레오티드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, GUSB 프로모터는 378 뉴클레오티드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절성 폴리뉴클레오티드-RBG일 수 있으며, 이때, AAV는 자기-상보적일 수 있고, AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0790] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 NFL 프로모터를 포함한다. NFL 프로모터는 600 내지 700 뉴클레오티드 크기를

가질 수 있다. 비제한적인 예로서, NFL 프로모터는 650 뉴클레오티드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절성 폴리뉴클레오티드-RBG일 수 있으며, 이때, AAV는 자기-상보적일 수 있고, AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0791] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 NFH 프로모터를 포함한다. NFH 프로모터는 900 내지 950 뉴클레오티드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, NFH 프로모터는 920 뉴클레오티드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절성 폴리뉴클레오티드-RBG일 수 있으며, 이때, AAV는 자기-상보적일 수 있고, AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0792] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 scn8a 프로모터를 포함한다. scn8a 프로모터는 450 내지 500 뉴클레오티드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, scn8a 프로모터는 470 뉴클레오티드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절성 폴리뉴클레오티드-RBG일 수 있으며, 이때, AAV는 자기-상보적일 수 있고, AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0793] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 FXN 프로모터를 포함한다.

[0794] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 PGK 프로모터를 포함한다.

[0795] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 CBA 프로모터를 포함한다.

[0796] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 CMV 프로모터를 포함한다.

[0797] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 H1 프로모터를 포함한다.

[0798] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 U6 프로모터를 포함한다.

[0799] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 간 또는 골격근 프로모터를 포함한다. 간 프로모터의 비제한적인 예는 hAAT 및 TBG를 포함한다. 골격근 프로모터의 비제한적인 예는 데스민(Desmin), MCK 및 C5-12를 포함한다.

[0800] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 인핸서 요소, 프로모터 및/또는 5'UTR 인트론을 포함한다. 인핸서는 비제한적으로 CMV 인핸서일 수 있고, 프로모터는 비제한적으로 CMV, CBA, UBC, GUSB, NSE, 수냅신(Sunapsin), MeCP2, 및 GFAP 프로모터일 수 있고, 5' UTR/인트론은 비제한적으로 SV40, 및 CBA-MVM일 수 있다. 비제한적인 예로서, 조합되어 사용되는 인핸서, 프로모터 및/또는 인트론은: (1) CMV 인핸서, CMV 프로모터, SV40 5'UTR 인트론; (2) CMV 인핸서, CBA 프로모터, SV 40 5'UTR 인트론; (3) CMV 인핸서, CBA 프로모터, CBA-MVM 5'UTR 인트론; (4) UBC 프로모터; (5) GUSB 프로모터; (6) NSE 프로모터; (7) 시냅신 프로모터; (8) MeCP2 프로모터; (9) GFAP 프로모터; (10) H1 프로모터; 및 (11) U6 프로모터일 수 있다.

[0801] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 조작된 프로모터를 갖는다.

[0802] *바이러스 게놈 구성원: 인트론*

[0803] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 전이유전자 표적 특이성 및 발현을 향상시키기 위한 하나 이상의 요소(예컨대, Powell 등, *Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy*, 2015; 이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨) 예컨대, 인트론. 인트론의 비제한적인 예는, MVM(67 내지 97 bp), F.IX 절단된(truncated) 인트론 1(300 bp), β-글로빈 SD/면역글로빈 중쇄 스플라이스 수용자(250 bp), 아데노바이러스 스플라이스 공여자/면역글로빈 스플라이스 수용자(500 bp), SV40 후기 스플라이스 공여자/스플라이스 수용자(19S/16S)(180 bps) 및 혼성 아데노바이러스 스플라이스 공여자/IgG 스플라이스 수용자(230 bp)를 포함한다.

[0804] 하나의 구현예에서, 인트론은 길이가 100 내지 500 뉴클레오티드일 수 있다. 인트론은 80, 90, 100, 110, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 190, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490 또는 500 길이를 가질 수 있다. 프로모터는 80 내지 100, 80 내지 120, 80 내지 140, 80 내지 160, 80 내지 180, 80 내지 200, 80 내지 250, 80 내지 300, 80 내지 350, 80 내지 400, 80 내지 450, 80 내지 500, 200 내지 300, 200 내지 400, 200 내지 500, 300 내지 400, 300 내지 500, 또는 400 내지 500의 길이를 가질 수 있다.

[0805] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 SV40 인트론 또는 단편 또는 이의 변이체를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 프로모터는 CMV일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 프로모터는 CBA일 수 있다. 또 다른 비제한적

인 예로서, 프로모터는 H1일 수 있다.

[0806] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 베타-글로빈 인트론 또는 단편 또는 이의 변이체를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 프로모터는 CMV일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 프로모터는 CBA일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 프로모터는 H1일 수 있다.

[0807] 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는, 비제한적으로 SV40 인트론 또는 베타 글로빈 인트론 또는 당업계에 공지된 다른 것들과 같은 발현 벡터에서 인트론의 하류에 위치할 수 있다. 또한, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수도 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의, 인트론을 가진 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 인트론으로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 뉴클레오티드의 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 인트론으로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 서열의 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25%, 또는 20 내지 25%의 인트론으로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다.

[0808] *바이러스 게놈 구성 요소: 아데닐산중합반응 서열*

[0809] 하나의 구현예에서, 본 발명의 AAV 입자들의 바이러스 게놈은 적어도 하나의 아데닐산중합반응 서열을 포함한다. AAV 입자의 바이러스 게놈은 탑재물 암호화 서열의 3' 말단과 3'ITR의 5' 말단 사이의 아데닐산중합반응 서열을 포함할 수 있다.

[0810] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열 또는 "폴리A 서열"은 길이가 뉴클레오티드의 부재 내지 약 500 뉴클레오티드 범위일 수 있다. 아데닐산중합반응 서열은, 비제한적으로, 길이가 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 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, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206, 207, 208, 209, 210, 211, 212, 213, 214, 215, 216, 217, 218, 219, 220, 221, 222, 223, 224, 225, 226, 227, 228, 229, 230, 231, 232, 233, 234, 235, 236, 237, 238, 239, 240, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 252, 253, 254, 255, 256, 257, 258, 259, 260, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273, 274, 275, 276, 277, 278, 279, 280, 281, 282, 283, 284, 285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 301, 302, 303, 304, 305, 306, 307, 308, 309, 310, 311, 312, 313, 314, 315, 316, 317, 318, 319, 320, 321, 322, 323, 324, 325, 326, 327, 328, 329, 330, 331, 332, 333, 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 345, 346, 347, 348, 349, 350, 351, 352, 353, 354, 355, 356, 357, 358, 359, 360, 361, 362, 363, 364, 365, 366, 367, 368, 369, 370, 371, 372, 373, 374, 375, 376, 377, 378, 379, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 391, 392, 393, 394, 395, 396, 397, 398, 399, 400, 401, 402, 403, 404, 405, 406, 407, 408, 409, 410, 411, 412, 413, 414, 415, 416, 417, 418, 419, 420, 421, 422, 423, 424, 425, 426, 427, 428, 429, 430, 431, 432, 433, 434, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 441, 442, 443, 444, 445, 446, 447, 448, 449, 450, 451, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 458, 459, 460, 461, 462, 463, 464, 465, 466, 467, 468, 469, 470, 471, 472, 473, 474, 475, 476, 477, 478, 479, 480, 481, 482, 483, 484, 485, 486, 487, 488,

489, 490, 491, 492, 493, 494, 495, 496, 497, 498, 499, 및 500 뉴클레오티드일 수 있다.

[0811] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 50 내지 100 뉴클레오티드이다.

[0812] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 50 내지 150 뉴클레오티드이다.

[0813] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 50 내지 160 뉴클레오티드이다.

[0814] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 50 내지 200 뉴클레오티드이다.

[0815] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 60 내지 100 뉴클레오티드이다.

[0816] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 60 내지 150 뉴클레오티드이다.

[0817] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 60 내지 160 뉴클레오티드이다.

[0818] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 60 내지 200 뉴클레오티드이다.

[0819] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 70 내지 100 뉴클레오티드이다.

[0820] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 70 내지 150 뉴클레오티드이다.

[0821] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 70 내지 160 뉴클레오티드이다.

[0822] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 70 내지 200 뉴클레오티드이다.

[0823] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 80 내지 100 뉴클레오티드이다.

[0824] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 80 내지 150 뉴클레오티드이다.

[0825] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 80 내지 160 뉴클레오티드이다.

[0826] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 80 내지 200 뉴클레오티드이다.

[0827] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 90 내지 100 뉴클레오티드이다.

[0828] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 90 내지 150 뉴클레오티드이다.

[0829] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 90 내지 160 뉴클레오티드이다.

[0830] 하나의 구현예에서, 아데닐산중합반응 서열은 길이가 90 내지 200 뉴클레오티드이다.

[0831] 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또한, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서, 비제한적으로 SV40 또는 인간 베타글로빈 인트론을 가진 CMV, U6, H1, CBA 또는 CBA 프로모터와 같은 프로모터의 하류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오티드 이내의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 1 내지 5, 1 내지 10, 1 내지 15, 1 내지 20, 1 내지 25, 1 내지 30, 5 내지 10, 5 내지 15, 5 내지 20, 5 내지 25, 5 내지 30, 10 내지 15, 10 내지 20, 10 내지 25, 10 내지 30, 15 내지 20, 15 내지 25, 15 내지 30, 20 내지 25, 20 내지 30 또는 25 내지 30 뉴클레오티드 이내의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 뉴클레오티드의 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터에서 처음 1 내지 5%, 1 내지 10%, 1 내지 15%, 1 내지 20%, 1 내지 25%, 5 내지 10%, 5 내지 15%, 5 내지 20%, 5 내지 25%, 10 내지 15%, 10 내지 20%, 10 내지 25%, 15 내지 20%, 15 내지 25%, 또는 20 내지 25%의 프로모터로부터의 하류 및/또는 아데닐산중합반응 서열의 상류에 위치할 수 있다.

[0832] *발현 벡터*

[0833] 하나의 구현예에서, 발현 벡터(예컨대, AAV 벡터)는 본원에 기술된 적어도 하나의 siRNA 서열 또는 이중가닥을 암호화하는 적어도 하나의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함할 수 있다.

[0834] 하나의 구현예에서, 발현 벡터는 5'에서 3'으로 지칭되는 ITR에서 ITR까지, ITR, 프로모터, 인트론, 조절성 폴

리뉴클레오티드, 폴리A 서열 및 ITR을 포함할 수 있다.

[0835] *게놈 크기*

[0836] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 단일 가닥 또는 이중 가닥의 벡터 게놈일 수 있다. 벡터 게놈의 크기는 작거나 중간이거나 크거나 최대 크기일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0837] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 작은 단일 가닥의 벡터 게놈일 수 있다. 작은 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 2.7 내지 3.5 kb, 예컨대 크기가 약 2.7, 2.8, 2.9, 3.0, 3.1, 3.2, 3.3, 3.4 및 3.5 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 작은 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 3.2 kb일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0838] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 작은 이중 가닥의 벡터 게놈일 수 있다. 작은 이중 가닥의 벡터 게놈은 크기가 1.3 내지 1.7 kb, 예컨대 크기가 약 1.3, 1.4, 1.5, 1.6 및 1.7 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 작은 이중 가닥의 벡터 게놈은 크기가 1.6 kb일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0839] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열, 예컨대 siRNA 또는 dsRNA를 포함하는 벡터 게놈은 중간 크기의 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 중간 크기의 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 3.6 내지 4.3 kb, 예컨대 크기가 약 3.6, 3.7, 3.8, 3.9, 4.0, 4.1, 4.2 및 4.3 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 중간 크기의 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 4.0 kb일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0840] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은, 중간 크기의 이중 가닥의 벡터 게놈일 수 있다. 중간 크기의 이중 가닥의 벡터 게놈은 크기가 1.8 내지 2.1 kb, 예컨대 크기가 약 1.8, 1.9, 2.0, 및 2.1 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 중간 크기의 이중 가닥의 벡터 게놈은 크기가 2.0 kb일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0841] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은, 큰 크기의 단일 가닥의 벡터 게놈일 수 있다. 큰 크기의 단일 가닥의 벡터는 크기가 4.4 내지 6.0 kb, 예컨대 크기가 약 4.4, 4.5, 4.6, 4.7, 4.8, 4.9, 5.0, 5.1, 5.2, 5.3, 5.4, 5.5, 5.6, 5.7, 5.8, 5.9 및 6.0 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 큰 크기의 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 4.7 kb일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 큰 크기의 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 4.8 kb일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 큰 크기의 단일 가닥의 벡터 게놈은 크기가 6.0 kb일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0842] 하나의 구현예에서, 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은, 큰 크기의 이중 가닥의 벡터 게놈일 수 있다. 큰 크기의 이중 가닥의 벡터 게놈은 크기가 2.2 내지 3.0 kb, 예컨대 크기가 약 2.2, 2.3, 2.4, 2.5, 2.6, 2.7, 2.8, 2.9 및 3.0 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 크기가 큰 이중 가닥의 벡터 게놈은 크기가 약 2.4 kb일 수 있다. 추가로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0843] *바이러스 제조*

[0844] 본 발명은 바이러스 복제 세포를 AAV 폴리뉴클레오티드 또는 AAV 게놈과 접촉시키는 것을 포함하는, 바이러스 복제 세포에서의 바이러스 게놈 복제에 의해서 파보바이러스 입자, 예컨대 AAV 입자를 생성하기 위한 방법을 제공한다.

[0845] 본 발명은 1) 컴피턴트(competent) 박테리아 세포를 바크미드(bacmid) 벡터및, 바이러스 구조체 벡터 및/또는 AAV 탑재물 구조체 벡터 중 어느 하나로 공동-형질 감염시키는 단계, 2) 생성된 바이러스 구조체 발현 벡터 및 AAV 탑재물 구조체 발현 벡터를 단리시키고, 바이러스 복제 세포를 개별적으로 형질 감염시키는 단계, 3) 바이러스 구조체 발현 벡터 또는 AAV 탑재물 구조체 발현 벡터를 포함하는 생성된 탑재물 및 바이러스 구조체 입자를 단리시키고 정제하는 단계, 4) 바이러스 복제 세포를, 바이러스 구조체 발현 벡터 또는 AAV 탑재물 구조체 발현 벡터를 포함하는 AAV 탑재물 및 바이러스 구조체 입자 둘 다로 공동-감염시키는 단계, 5) 파보바이러스 게놈을 포함하는 바이러스 입자를 회수하고 정제하는 단계를 포함하는, 증대된(증가된, 개선된) 형질 도입 효율을 갖는 AAV 입자의 제조 방법을 제공한다.

[0846] 하나의 구현예에서, 본 발명은 1) 비제한적으로 HEK293 세포와 같은 포유류 세포를, 탑재물 영역, rep 유전자 및 cap 유전자를 발현시키는 구조체 및 헬퍼(helper) 구조체로 동시에 공동-형질 감염시키는 단계, 2) 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 회수하고 정제하는 단계를 포함하는, AAV 입자의 제조 방법을 제공한다.

[0847] *세포*

[0848] 본 발명은 AAV 폴리뉴클레오티드 및/또는 AAV 게놈을 포함하는 세포를 제공한다.

[0849] 본원에 개시된 바이러스 제조는, 표적 세포에 접촉하여 탑재물 분자를 암호화하는 뉴클레오티드를 포함하는 탑재물 구조체, 예컨대 재조합 바이러스 구조체를 전달하는 AAV 입자를 제조하는 공정 및 방법을 기술한다.

[0850] 하나의 구현예에서, AAV 입자는 곤충 세포를 포함하는 바이러스 복제 세포에서 제조될 수 있다.

[0851] 배양 중 곤충 세포에 대한 성장 조건 및, 배양 중 곤충 세포에서의 이종 생성물의 생산은 당업계에 잘 알려져 있고, 미국 특허 제 6,204,059호에 개시되어 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0852] 파보바이러스의 복제를 허용하고 배양물에서 유지될 수 있는 임의의 곤충 세포가 본 발명에 따라 사용될 수 있다. 세포주는 비제한적으로 Sf9 또는 Sf21 세포주를 포함하는 스포도프테라 프루기페르다(Spodoptera frugiperda), 초파리 세포주, 또는 흰줄숲모기 유래 세포주와 같은 모기 세포주로부터 사용될 수 있다. 이종 단백질의 발현을 위한 곤충 세포의 사용은 벡터, 예컨대 곤충-세포 양립 가능한 벡터와 같은 핵산을 그러한 세포에 도입하는 방법 및, 배양 중 그러한 세포를 유지시키는 방법에 대해서 잘 기록되어 있다. 예를 들어, Methods in Molecular Biology, ed. Richard, Humana Press, NJ (1995); O'Reilly et al., Baculovirus Expression Vec내지rs, A Labora내지ry Manual, Oxford Univ. Press (1994); Samulski et al., J. Vir.63:3822-8 (1989); Kajigaya et al., Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA 88: 4646-50 (1991); Ruffing et al., J. Vir. 66:6922-30 (1992); Kimbauer et al., Vir.219:37-44 (1996); Zhao et al., Vir.272:382-93 (2000); 및 Samulski et al., U.S. Pat. No. 6,204,059에 개시되어 있고, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0853] 바이러스 복제 세포는 원핵(예컨대, 박테리아)세포 및, 곤충 세포, 효모 세포 및 포유류 세포를 포함하는 진핵 세포를 포함하는 임의의 생물체로부터 선택될 수 있다. 바이러스 복제 세포는 포유류 세포, 예컨대 A549, WEH1, 3T3, 10T1/2, BHK, MDCK, COS 1, COS 7, BSC 1, BSC 40, BMT 10, VERO. W138, HeLa, HEK293, Saos, C2C12, L 세포, HT1080, HepG2 및 포유류 유래의 1차 섬유아세포, 간세포 및 근원세포를 포함할 수 있다. 바이러스 복제 세포는 비제한적으로 인간, 원숭이, 마우스, 랫트, 토끼 및 햄스터를 포함하는 포유류 종으로부터 유래된 세포 또는, 비제한적으로 섬유아세포, 간세포, 종양 세포, 세포주 형질변환 세포 등을 포함하는 세포형(cell type)을 포함한다.

[0854] *AAV 입자의 소규모 생산*

[0855] 본원에 개시된 바이러스 생산은 표적 세포에 접촉하여, 탑재물을 암호화하는 뉴클레오티드를 포함하는 탑재물 구조체, 예컨대 재조합 바이러스 구조체를 전달하는 AAV 입자를 제조하는 공정 및 방법을 기술한다.

[0856] 하나의 구현예에서, AAV 입자는 포유류 세포를 포함하는 바이러스 복제 세포에서 생산될 수 있다.

[0857] 재조합 AAV 입자의 생산에 일반적으로 사용되는 바이러스 복제 세포는, 미국 특허 제6,156,303호, 제5,387,484호, 제5,741,683호, 제5,691,176호 및 제5,688,676호; 미국특허출원 제2002/0081721호, 국제공개특허 제WO 00/47757호, 제WO 00/24916호 및 제96/17947호에 기술된 293 세포, COS 세포, HeLa 세포, KB 세포 및 다른 포유류 세포주를 포함하나 이로 제한되는 것은 아니고, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0858] 하나의 구현예에서, AAV 입자는 포유류-세포에서 생산되고, 3종의 VP 단백질 모두가 1:1:10(VP1:VP2:VP3)에 근접한 화학량론으로 발현된다. 이러한 조절된 발현 수준을 허용하는 조절 메커니즘은 차별 접합(differential splicing)에 의해 생산되는 두 개의 mRNA, VP1을 위한 하나 및, VP2 및 VP3을 위한 다른 하나,의 생산을 포함한다.

[0859] 다른 구현예에서, AAV 입자는 포유류 세포에서 탑재물 구조체, 파보바이러스 Rep 및 파보바이러스 Cap 및 헬퍼 구조체가 3개의 상이한 구조체 내에 포함되는 3중 형질 전환 방법(triple transfection method)을 이용하여 생산된다. AAV 입자 생산의 3가지 구성 요소의 3중 형질 전환 방법은 형질 도입 효율, 표적 조직(굴성(tropism)) 평가 및 안정성을 포함하는 검정을 위한 소 다수의(small lots of) 바이러스를 생산하는데 이용될 수 있다.

[0860] *바큘로바이러스*

[0861] 본원에 개시된 입자의 생산은, 표적 세포에 접촉하여 탑재물을 암호화하는 뉴클레오티드를 포함하는 탑재물 구조체를 전달하는 AAV 입자를 생산하는 공정 및 방법을 기술한다.

[0862] 간략하게, 바이러스 구조체 벡터 및 AAV 탑재물 구조체 벡터 각각은 통상의 기술자 의해 공지되고 수행되는 표준 분자 생물학 기술에 의해, 트랜스포슨 공여체/수용체 시스템(transposon donor/acceptor system)에 의해 바큘로바이러스 플라스미드로도 알려진 바크미드에 혼입된다. 별도의 바이러스 복제 세포 집단의 형질감염은 두 개의 바큘로바이러스를 생산하는데, 하나는 바이러스 구조체 발현 벡터를 포함하고, 다른 하나는 AAV 탑재물 구조체 발현 벡터를 포함한다. 두 개의 바큘로바이러스는 AAV 입자의 생산을 위한 단일 바이러스 복제 세포 집단을 감염시키는 데 사용될 수 있다.

[0863] 비제한적으로 스포도프테라 프루기페르다(Sf9) 세포를 포함하는 곤충 세포에서 바이러스 입자를 생산하기 위한 바큘로바이러스 발현 벡터는, 높은 역가의 바이러스 입자 생성물을 제공한다. 바이러스 구조체 발현 벡터 및 AAV 탑재물 구조체 발현 벡터를 암호화하는 재조합 바큘로바이러스는 바이러스 복제 세포의 증식성 감염을 시작한다. 1차 감염으로부터 방출된 감염성 바큘로바이러스 입자는 배양물에서 추가의 세포를 2차적으로 감염시키고, 감염의 초기 다중도 함수인 다수의 감염 사이클에서 전체 세포 배양 집단을 기하급수적으로 감염시키며, Urabe, M. et al., J Virol. 2006 Feb; 80 (4):1874-85에 개시되어 있는 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0864] 곤충 세포 시스템에서의 바큘로바이러스를 이용한 AAV 입자의 생산은 공지된 바큘로바이러스의 유전적 및 물리적 불안정성을 다룰 수 있다. 하나의 구현예에서, 생산 시스템은 역가 없는 감염-세포 보존과 스케일-업 시스템을 이용하여 다수의 계대를 거쳐 바큘로바이러스 불안정성을 다룬다. 바이러스 생산 세포의 소규모 종자 배양물은 바이러스 입자의 구조적, 비-구조적 구성 요소를 암호화하는 바이러스 발현 구조체로 형질감염된다. 바큘로바이러스-감염된 바이러스 생산 세포는 액체 질소 중에서 저온 보존될 수 있는 분액으로 회수되고; 분액은 대규모 바이러스 생산 세포 배양의 감염에 대한 생존력과 감염성을 보유하고 있으며, Wasilko DJ et al., Protein Expr Purif. 2009 Jun; 65(2):122-32에 개시되어 있는 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0865] 유전적으로 안정한 바큘로바이러스는 무척추동물 세포에서 AAV 입자를 생산하기 위한 하나 이상의 구성 요소의 공급원을 생산하는데 사용될 수 있다. 하나의 구현예에서, 결함이 있는 바큘로바이러스 발현 벡터는 곤충 세포에서 에피솜으로(episomally) 유지될 수 있다. 이러한 구현예에서 바크미드 벡터는 비제한적으로 프로모터, 인핸서 및/또는 세포-주기 조절 복제 요소를 포함하는 복제 조절 요소로 조작된다.

[0866] 하나의 구현예에서, 바큘로바이러스는 재조합을 위한 (비-) 선택 마커를 이용하여 키티나제/카텝신 유전자좌 내로 조작될 수 있다. 키티나제/v-카텝신 유전자좌는 조직 배양에서 바큘로바이러스를 번식시키는데 비-필수적이며, V-카텝신(EC 3.4.22.50)는 Arg-Arg 디펩티드 함유 기질에 가장 활성인 시스테인 엔도프로테아제이다. Agr-Agr 디펩티드는 덴소바이러스 및 파보바이러스 캡시드 구조 단백질에 존재하지만, 디펜도바이러스 VP1에서는 드물게 발생한다.

[0867] 하나의 구현예에서, 바큘로바이러스 감염을 허용하는 안정한 바이러스 복제 세포는, 비제한적으로 전체 AAV 게놈, Rep 및 Cap 유전자, Rep 유전자, Cap 유전자, 별도의 전사 카세트로서의 각각의 Rep 단백질, 별도의 전사 카세트로서의 각각의 Vp 단백질, AAP(어셈블리 활성화 단백질)를 포함하는, AAV 복제 및 바이러스 입자 생산에 필요한 임의의 요소의 안정한 통합 카피(integrated copy)의 적어도 하나, 또는 야생형 또는 비-야생형 프로모터를 가진 바큘로바이러스 헬퍼 유전자의 적어도 하나로 조작된다.

[0868] *대규모 생산*

[0869] 일부 구현예에서, AAV 입자 생산은 생산 규모를 증가시키도록 변형될 수 있다. 본 발명에 따른 대규모 바이러스 생산 방법은 미국 특허 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호 및 제7,491,508호 또는 국제공개특허 제WO1996039530호, 제WO1998010088호, 제WO1999014354호, 제WO1999015685호, 제WO1999047691호, 제WO2000055342호, 제WO2000075353호 및 제WO2001023597호에 교시된 임의의 것을 포함할 수 있고, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다. 바이러스 입자 생산 규모를 증가시키는 방법은 전형적으로 바이러스 복제 세포의 수를 증가시키는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, 바이러스 복제 세포는 부착 세포를 포함한다. 부착성 바이러스 복제 세포에 의한 바이러스 입자 생산의 규모를 증가시키기 위하여, 더 큰 세포 배양 표면이 요구된다. 일부 경우에, 대규모 생산 방법은 세포 배양 표면을 증가시키기 위해 롤러 병의 사용을 포함한다. 증가된 표면적을 갖는 다른 세포 배양 기질

은 당업계에 공지되어 있다. 증가된 표면적을 갖는 추가의 부착 세포 배양 생성물의 예는, 비제한적으로 CellTACK®, CellCube® (Corning Corp., Corning, NY) 및 NuncTM Cell FactoryTM(Thermo Scientific, Waltham, MA.)를 포함한다. 일부 경우에, 대규모 부착 세포 표면은 약 1,000 cm^2 내지 약 100,000 cm^2을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 대규모 부착 세포 배양물은 약 107 내지 약 109개의 세포, 약 108 내지 약 1010개의 세포, 약 109 내지 약 1012개의 세포 또는 적어도 1012개의 세포를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 대규모 부착 배양물은 약 109 내지 약 1012개, 약 1010 내지 약 1013개, 약 1011 내지 약 1014개, 약 1012 내지 약 1015개 또는 적어도 1015개의 바이러스 입자를 생산할 수 있다.

[0870] 일부 구현예에서, 본원에 개시된 대규모 바이러스 생산 방법은 현탁 세포 배양물의 사용을 포함할 수 있다. 현탁 세포 배양물은 현저히 증가된 세포 수를 가능하게 한다. 전형적으로, 약 10 내지 50 cm^2의 표면적에서 자랄 수 있는 부착 세포의 수는 약 1cm^3 부피의 현탁액에서 성장할 수 있다.

[0871] 대규모 배양 형태에서 복제 세포의 형질감염은 당업계에 공지된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있다. 대규모 부착 세포 배양을 위해, 형질감염 방법은 비제한적으로 무기 화합물(예컨대, 인산 칼슘), 유기 화합물[예컨대, 폴리에틸렌이민(PEI)]의 사용 또는 비-화학적 방법(예컨대, 전기 천공법)의 사용을 포함할 수 있다. 현탁액에서 자란 세포와 함께, 형질감염 방법은 비제한적으로 인산 칼슘의 사용 및 PEI의 사용을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 대규모 현탁액 배양물의 형질감염은 Feng, L. et al., 2008. Biotechnol Appl. Biochem. 50:121-32에 "형질감염 절차(Transfection Procedure)"라는 제목으로 기재된 부분에 따라 수행될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다. 이러한 구현예에 따르면, 형질전환될 플라스미드의 도입을 위해 PEI-DNA 복합체가 형성될 수 있다. 일부 경우에, PEI-DNA 복합체로 형질전환될 세포는 형질감염 이전에 "충격 받을" 수 있다. 이는 약 1시간의 기간 동안 세포 배양물의 온도를 4℃로 낮추는 것을 포함한다. 일부 경우에, 세포 배양물은 약 10분 내지 약 5시간의 기간 동안 충격 받을 수 있다. 일부 경우에, 세포 배양물은 약 0℃ 내지 약 20℃의 온도에서 충격 받을 수 있다.

[0872] 일부 경우에, 형질감염은 하나 이상의 AAV 탑재물 구조체로부터 핵산의 발현을 감소시키기 위해, RNA 작동체 분자의 발현을 위한 하나 이상의 벡터를 포함할 수 있다. 이러한 방법은 탑재물 구조체를 발현할 때 낭비되는 세포 자원을 감소시킴으로써 바이러스 입자의 생산을 향상시킬 수 있다. 일부 경우에, 이러한 방법은 미국 공개번호 제US2014/0099666호에 교시된 바에 따라 수행될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0873] *생물 반응기*

[0874] 일부 구현예에서, 세포 배양 생물 반응기는 대규모 바이러스 생산에 사용될 수 있다. 일부 경우에, 생물 반응기는 교반 탱그 반응기를 포함한다. 이러한 반응기는 일반적으로 교반기(예컨대, 임펠러)를 갖는, 통상적으로 원통형 모양의 용기를 포함한다. 일부 구현예에서, 이러한 생물 반응기 용기는 용기 온도를 제어하고/하거나 주변 온도 변화로 인한 효과를 최소화하기 위하여 물 재킷 내에 배치될 수 있다. 생물 반응기 용기의 부피는 약 500 ml 내지 약 2 L, 약 1 L 내지 약 5 L, 약 2.5 L 내지 약 20 L, 약 10 L 내지 약 50 L, 약 25 L 내지 약 100 L, 약 75 L 내지 약 500 L, 약 250 L 내지 약 2,000 L, 약 1,000 L 내지 약 10,000 L, 약 5,000 L 내지 약 50,000 L 또는 적어도 50,000 L 크기의 범위일 수 있다. 용기 바닥은 둥글거나 평평할 수 있다. 일부 경우에, 동물 세포 배양물은 둥근 바닥 용기를 가진 생물 반응기에서 유지될 수 있다.

[0875] 일부 경우에, 생물 반응기 용기는 열 서큘레이터의 사용을 통해 데워질 수 있다. 열 서큘레이터는 가열된 물을 물 재킷 주위로 펌핑한다. 일부 경우에, 가열된 물은 생물 반응기 용기 내에 존재하는 파이프(예컨대, 코일형 파이프)를 통해 펌핑될 수 있다. 일부 경우에, 따뜻한 공기가 비제한적으로 배양 배지 바로 위의 공기 공간을 포함하여 생물 반응기 주위로 순환될 수 있다. 또한, 세포 생존력을 최적화하기 위하여 pH 및 이산화탄소 수준이 유지될 수 있다.

[0876] 일부 경우에, 생물 반응기는 중공-섬유 반응기를 포함할 수 있다. 중공-섬유 반응기는 앵커리지 의존 세포 및 앵커리지 독립 세포 둘 다의 배양을 지지할 수 있다. 추가의 생물 반응기는 비제한적으로 충전층 또는 고정층 생물 반응기를 포함할 수 있다. 이러한 생물 반응기는 부착 세포의 부착을 위한 유리 비드를 갖는 용기를 포함할 수 있다. 또한 충전층 반응기는 세라믹 비드를 포함할 수 있다.

[0877] 일부 경우에, 바이러스 입자는 일회용 생물 반응기의 사용을 통해 생산된다. 일부 구현예에서, 이러한 생물 반응기는 WaveTM 일회용 생물 반응기를 포함할 수 있다.

[0878] 일부 구현예에서, 동물 세포 생물 반응기 배양물에서의 AAV 입자의 생산은 미국 특허 제5,064764호, 제

6,194,191호, 제6,566,118호, 제8,137,948호 또는 미국 특허출원 제US2011/0229971호에 교시된 방법에 따라 수행될 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0879] *세포 용해*

[0880] 비제한적으로 바이러스 생산 세포를 포함하는 본 발명의 세포는, 당업계에 공지된 임의의 방법에 따라 세포 용해될 수 있다. 세포 용해는 본 발명의 임의의 세포 내에 존재하는 하나 이상의 제제(예컨대, 바이러스 입자)를 수득하기 위해 수행될 수 있다. 일부 구현예에서, 세포 용해는 미국 특허 제7,326,555호, 제7,579,181호, 제7,048,920호, 제6,410,300호, 제6,436,394호, 제7,732,129호, 제7,510,875호, 제7,445,930호, 제6,726,907호, 제6,194,191호, 제7,125,706호, 제6,995,006호, 제6,676,935호, 제7,968,333호, 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호 및 제7,491,508호 또는 국제공개특허 제WO1996039530호, 제WO1998010088호, 제WO1999014354호, 제WO1999015685호, 제WO1999047691호, 제WO2000055342호, 제WO2000075353호 및 제WO2001023597호에 열거된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다. 세포 용해 방법은 화학적이거나 기계적일 수 있다. 화학적 세포 용해는 통상적으로 하나 이상의 세포를 하나 이상의 용해제에 접촉시키는 것을 포함한다. 기계적 용해는 통상적으로 하나 이상의 세포에 하나 이상의 용해 조건 및/또는 하나 이상의 용해력을 가하는 것을 포함한다.

[0881] 일부 구현예에서, 화학적 용해가 세포를 용해하는데 사용될 수 있다. 본원에 사용된 용어 "용해제"는 세포의 파괴를 돕는 임의의 제제를 지칭한다. 일부 경우에, 용해제는 용해 용액 또는 용해 완충액으로 불리는 용액에 도입된다. 본원에 사용된 용어 "용해 용액"은 하나 이상의 용해제를 포함하는 용액(통상적으로 수성)을 의미한다. 용해제 뿐만 아니라, 용해 용액은 하나 이상의 완충제, 가용화제, 계면활성제, 방부제, 동결방지제, 효소, 효소 저해제 및/또는 킬레이터를 포함할 수 있다. 용해 완충액은 하나 이상의 완충제를 포함하는 용해 용액이다. 용해 용액의 추가적인 성분은 하나 이상의 가용화제를 포함할 수 있다. 본원에 사용된 용어 "가용화제"는 용액의 하나 이상의 성분의 용해도 및/또는 용액이 적용되는 하나 이상의 성분의 용해도를 향상시키는 화합물을 의미한다. 일부 경우에, 가용화제는 단백질 용해도를 향상시킨다. 일부 경우에, 가용화제는 단백질 구조 및/또는 활성을 유지하면서 단백질 용해도를 향상시키는 능력에 기초하여 선택된다.

[0882] 예시적인 용해제는 미국 특허 제8,685,734호, 제7,901,921호, 제7,732,129호, 제7,223,585호, 제7,125,706호, 제8,236,495호, 제8,110,351호, 제7,419,956호, 제7,300,797호, 제699,706호 및 제6,143,567호에 기술된 임의의 것을 포함할 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다. 일부 경우에, 용해제는 용해 염, 양쪽성 제제, 양이온성 제제, 이온성 세제 및 비-이온성 세제로부터 선택될 수 있다. 용해 염은 비제한적으로 염화나트륨(NaCl) 및 염화칼륨(KCl)을 포함할 수 있다. 추가의 용해 염은 미국 특허 제8,614,101호, 제7,326,555호, 제7,579,181호, 제7,048,920호, 제6,410,300호, 제6,436,394호, 제7,732,129호 제7,510,875호, 제7,445,930호, 제6,726,907호, 제6,194,191호, 제7,125,706호, 제6,995,006호, 제6,676,935 및 제7,968,333호에 기술된 임의의 것을 포함할 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다. 염의 농도는 세포막의 파열에 효과적인 농도를 얻기 위하여 증가되거나 감소될 수 있다. 본원에 언급되는 양쪽성 제제는 산 또는 염기로서 반응할 수 있는 화합물이다. 양쪽성 제제는 비제한적으로 리소포스파티딜콜린, 3-((3-콜아미도프로필) 디메틸암모늄)-1-프로판설포네이트(CHAPS), Zwittergent® 등을 포함할 수 있다. 양이온성 제제는 비제한적으로 세틸트리메틸암모늄 브로마이드(C (16) TAB) 및 벤즈알코늄 클로라이드를 포함할 수 있다. 세제를 포함하는 용해제는 이온성 세제 또는 비-이온성 세제를 포함할 수 있다. 세제는 비제한적으로 세포막, 세포벽, 지질, 탄수화물, 지단백질 및 당단백질을 포함하는 세포 구조를 분해하거나 용해하는 작용을 할 수 있다. 예시적인 이온성 세제는 미국 특허 제7,625,570호 및 제6,593,123호 또는 미국공개특허 제US2014/0087361호에 교시된 임의의 것을 포함하며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다. 일부 이온성 세제는 비제한적으로 나트륨 도데실 설페이트(SDS), 콜레이트 및 디옥시콜레이트를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 이온성 세제는 가용화제로서 용해 용액에 포함될 수 있다. 비-이온성 세제는 비제한적으로 옥틸글루코사이드, 디기토닌, 루브롤(lubrol), C12E8, 트윈®-20, 트윈®-80, 트리톤 X-100 및 논아이오딧 P-40(Noniodet P-40)을 포함할 수 있다. 비이온성 세제는 전형적으로 약한 용해제이지만, 세포 및/또는 바이러스 단백질을 가용화하기 위한 가용화제로서 포함될 수 있다. 추가의 용해제는 효소 및 요소(urea)를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 세포 용해 및 단백질 용해도 중 하나 이상을 향상시키기 위하여 하나 이상의 용해제가 용해 용액에 혼합될 수 있다. 일부 경우에, 세포막 파괴에 의해 유발될 수 있는 단백질 분해를 방지하기 위하여, 효소 저해제가 용해 용액에 포함될 수 있다.

[0883] 일부 구현예에서, 기계적 세포 용해가 수행된다. 기계적 세포 용해 방법은 하나 이상의 용해 조건 및/또는 하나 이상의 용해력의 사용을 포함할 수 있다. 본원에 사용된 용어 "용해 조건"은 세포 파괴를 촉진시키는 상태 또는 환경을 의미한다. 용해 조건은 특정 온도, 압력, 삼투성 순도, 염도 등을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 용해 조건은 증가되거나 감소된 온도를 포함한다. 일부 구현예에 따르면, 용해 조건은 세포 파괴를 촉진시키기 위한 온도 변화를 포함한다. 이러한 구현 예에 따라 수행되는 세포 용해는 동결-융해 용해(freeze-thaw lysis)를 포함할 수 있다. 본원에 사용된 용어 "동결-융해 용해"는 세포 용액이 하나 이상의 동결-융해 사이클을 거치는 세포 용해를 의미한다. 동결-융해 용해 방법에 따르면, 용액 중의 세포는 동결되어, 얼음 결정의 형성 및 팽창에 의해 유발되는 세포막의 기계적 파괴를 유도한다. 동결-융해 용해 방법에 사용되는 세포 용액은 하나 이상의 용해제, 가용화제, 완충제, 동결방지제, 계면활성제, 방부제, 효소, 효소저해제 및/또는 킬레이터를 추가로 포함할 수 있다. 일단 동결된 세포 용액이 융해되면, 이러한 성분들이 원하는 세포 생성물의 회수를 향상시킬 수 있다. 일부 경우에, 하나 이상의 동결방지제가 동결-융해 용해되는 세포 용액에 포함된다. 본원에 사용된 용어 "동결방지제"는 동결로 인한 손상으로부터 하나 이상의 물질을 보호하기 위해 사용되는 제제를 의미한다. 동결방지제는 미국 공개번호 제US2013/0323302호 또는 미국 특허 제6,503,888호, 제6,180,613호, 제7,888,096호, 제7,091,030호에 교시된 임의의 것을 포함할 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다. 일부 경우에, 동결방지제는 비제한적으로 디메틸 설폭사이드, 1,2-프로판디올, 2,3-부탄디올, 포름아미드, 글리세롤, 에틸렌 글리콜, 1,3-프로판디올 및 n-디메틸 포름아미드, 폴리비닐피롤리돈, 히드록시에틸 전분, 아가로스, 덱스트란, 이노시톨, 글루코오스, 히드록시에틸 전분, 락토오스, 소르비톨, 메틸 글루코오스, 수크로오스 및 요소를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 동결-융해 용해는 미국 특허 제7,704,721호에 기술된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0884] 본원에 사용된 용어 "용해력"은 세포를 파괴하는데 사용되는 물리적 활동을 의미한다. 용해력은 비제한적으로 기계력, 음파력, 중력, 광학력, 전기력 등을 포함할 수 있다. 기계력에 의해 수행되는 세포 용해를 본원에서 "기계적 용해"라고 지칭한다. 기계적 용해에 따라 사용될 수 있는 기계력은 높은 유체 전단력을 포함할 수 있다. 이러한 기계적 용해 방법에 따르면, 미세유동화기(microfluidizer)가 사용될 수 있다. 미세유동화기는 전형적으로 세포 용액이 적용될 수 있는 입구 저장소를 포함한다. 이어서 세포 용액을 고속 및/또는 압력에서 펌프(예컨대, 고압 펌프)를 통해 상호작용 챔버 내로 펌핑하여 유체전단력을 생성시킬 수 있다. 이어서 결과 용해물을 하나 이상의 배출 저장소에서 수집할 수 있다. 펌프 속도 및/또는 압력은 세포 용해를 조절하고 생성물(예컨대, 바이러스 입자)의 회수를 향상시키기 위해 조절될 수 있다. 다른 기계적 용해 방법은 스크래핑에 의한 세포의 물리적 파괴를 포함할 수 있다.

[0885] 세포 용해 방법은 용해될 세포의 세포 배양 형태에 기초하여 선택될 수 있다. 예를 들어, 부착 세포 배양의 경우, 일부 화학적 및 기계적 용해 방법이 사용될 수 있다. 이러한 기계적 용해 방법은 동결-융해 용해 또는 스크래핑을 포함할 수 있다. 또 다른 예에서, 부착 세포 배양물의 화학적 용해는 트리톤-X-100과 같은 계면활성제를 포함하는 용해 용액을 이용한 배양을 통해 수행될 수 있다. 일부 경우에, 부착 세포 배양물로부터 생성된 세포 용해물은, 해리된 DNA로 인한 용해물의 점도를 낮추기 위하여 하나 이상의 뉴클레아제로 처리될 수 있다.

[0886] 하나의 구현예에서, 용해 없이 AAV 입자를 회수하는 방법이 효율적이고 확장 가능한 AAV 입자 생산을 위해 사용될 수 있다. 비제한적인 예에서, AAV 입자는, 미국 특허출원 제20090275107호에 기술되어 있듯이, 헤파린 결합 부위가 결여된 AAV 입자를 배양하여 AAV 입자를 세포 배양물에서 상등액으로 통과키고, 배양물로부터 상등액을 수집하고; AAV 입자를 상등액으로부터 단리시킴으로써 생산될 수 있고, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0887] *정화*

[0888] 바이러스 입자를 포함하는 세포 용해물은 정화될 수 있다. 정화는 세포 용해물로부터 바이러스 입자를 정제하는 초기 단계를 의미한다. 정화는 더 큰 불용성 찌꺼기를 제거함으로써 추가의 정제를 위한 용해물을 준비하는 역할을 한다. 정화 단계는 비제한적으로 원심분리 및 여과를 포함할 수 있다. 정화 동안, 더 큰 찌꺼기만을 제거하기 위해 원심분리가 저속으로 수행될 수 있다. 유사하게, 여과는 더 큰 찌꺼기만을 제거하기 위하여 더 큰 기공 크기를 갖는 필터를 사용하여 수행될 수 있다. 일부 경우에, 정화 동안 접선 유동 여과가 사용될 수 있다. 바이러스 정화의 목적은 세포 용해물의 높은 처리량 및 궁극적인 바이러스 회수를 최적화하는 것을 포함한다. 정화 단계를 포함하는 것의 이점은 더 많은 양의 용해물을 처리하기 위한 확장성을 포함한다. 일부 구현예에서, 정화는 미국 특허 제8,524,446호, 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호, 제7,491,508호, 미국 공개번호 제US2013/0045186호, 제

US2011/0263027호, 제US2011/0151434호, 제US2003/0138772호, 및 국제공개특허 제WO2002012455호, 제WO1996039530호, 제WO1998010088호, 제WO1999014354호, 제WO1999015685호, 제WO1999047691호, 제WO2000055342호, 제WO2000075353호 및 제WO2001023597호에 기술된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0889] 여과에 의한 세포 용해물의 정화 방법은 당업계에 잘 알려져 있으며, 비제한적으로 수동 여과 및 유동 여과를 포함하는 다양한 이용 가능한 방법에 따라 수행될 수 있다. 사용되는 필터는 다양한 재료 및 기공 크기를 포함할 수 있다. 예를 들어, 세포 용해물 필터는 약 1 μM 내지 약 5 μM, 약 0.5 μM 내지 약 2 μM, 약 0.1 μM 내지 약 1 μM, 약 0.05 μM 내지 약 0.05 μM 및 약 0.001 μM 내지 약 0.1 μM의 기공 크기를 포함할 수 있다. 세포 용해물 필터의 예시적인 기공 크기는 비제한적으로 2.0, 1.9, 1.8, 1.7, 1.6, 1.5, 1.4, 1.3, 1.2, 1.1, 1, 0.9, 0.8, 0.7, 0.6, 0.5, 0.4, 0.3, 0.2, 0.1, 0.95, 0.9, 0.85, 0.8, 0.75, 0.7, 0.65, 0.6, 0.55, 0.5, 0.45, 0.4, 0.35, 0.3, 0.25, 0.2, 0.15, 0.1, 0.05, 0.22, 0.21, 0.20, 0.19, 0.18, 0.17, 0.16, 0.15, 0.14, 0.13, 0.12, 0.11, 0.1, 0.09, 0.08, 0.07, 0.06, 0.05, 0.04, 0.03, 0.02, 0.01, 0.02, 0.019, 0.018, 0.017, 0.016, 0.015, 0.014, 0.013, 0.012, 0.011, 0.01, 0.009, 0.008, 0.007, 0.006, 0.005, 0.004, 0.003, 0.002, 0.001 및 0.001 μM을 포함할 수 있다. 하나의 구현예에서, 정화는 2.0 μM의 기공 크기를 가진 필터를 통한 여과로 큰 찌꺼기를 제거하고, 이어서 0.45 μM의 기공 크기를 가진 필터를 통과시켜 손상되지 않은 세포를 제거하는 것을 포함할 수 있다.

[0890] 필터 재료는 다양한 재료들로 구성될 수 있다. 이러한 재료들은 비제한적으로 중합체 재료 및 금속 재료(예컨대, 소결 금속 및 다공성 알루미늄)를 포함할 수 있다. 예시적인 재료는 비제한적으로 셀룰로스 재료(예컨대, 셀룰로스 아세테이트), 폴리비닐리덴 플루오라이드(PVDF), 폴리에테르술폰, 폴리아미드, 폴리술폰, 폴리프로필렌 및 폴리에틸렌 테레프탈레이트를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 세포 용해물의 정화에 유용한 필터는 비제한적으로 얼티플리트 프로파일™ 필터(ULTIPLEAT PROFILE™ filters, Pall Corporation, Port Washington, NY), 슈퍼™ 멤브레인 필터(SUPOR™ membrane filters, Pall Corporation, Port Washington, NY)를 포함할 수 있다.

[0891] 일부 경우에, 여과 속도 및/또는 효과를 증가시키기 위하여 유동 여과가 수행될 수 있다. 일부 경우에, 유동 여과는 진공 여과를 포함할 수 있다. 이러한 방법에 따르면, 필터에서 여과될 세포 용해물의 반대쪽에 진공이 생성된다. 일부 경우에, 세포 용해물은 원심력에 의해 필터를 통과할 수 있다. 일부 경우에, 세포 용해물이 정화 필터를 통과하도록 하기 위해 펌프가 사용될 수 있다. 하나 이상의 필터를 통한 세포 용해물의 유속은 채널 크기 및/또는 유체 압력 중 하나를 조절함으로써 조절될 수 있다.

[0892] 일부 구현예에 따르면, 세포 용해물은 원심분리에 의해 정화될 수 있다. 원심분리는 용해물에서 불용성 입자를 펠렛화하는데 사용될 수 있다. 정화 동안, 원심분리 강도[표준 중력의 배수로 표현되는 중력 단위(g)로 표시]는 후속 정제 단계에서보다 낮을 수 있다. 일부 경우에, 원심분리는 약 200 g 내지 약 800 g, 약 500 g 내지 약 1500 g, 약 1000 g 내지 약 5000 g, 약 1200 g 내지 약 10000 g 또는 약 8000 g 내지 약 15000 g에서 세포 용해물에 수행될 수 있다. 일부 구현예에서, 세포 용해물 원심분리는 8000 g에서 15분간 수행된다. 일부 경우에, 침전 속도에 의해 세포 용해물 중의 미립자를 분리하기 위하여 밀도 구배 원심분리가 수행될 수 있다. 본 발명의 방법에 따라 사용된 구배는 비제한적으로 세슘 클로라이드 구배 및 이오딕사놀 단계 구배를 포함할 수 있다.

[0893] *정제: 크로마토그래피*

[0894] 일부 경우에, AAV 입자가 정화된 세포 용해물로부터 하나 이상의 크로마토그래피 방법에 의해 정제될 수 있다. 크로마토그래피는 혼합물로부터 하나 이상의 성분을 분리하기 위해 당업계에 알려진 임의의 수의 방법을 의미한다. 이러한 방법은 비제한적으로 이온 교환 크로마토그래피(예컨대, 양이온 교환 크로마토그래피 및 음이온 교환 크로마토그래피), 면역친화성 크로마토그래피 및 크기배제 크로마토그래피를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 바이러스 크로마토그래피 방법은 미국 특허 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호 및 제7,491,508호 또는 국제공개특허 제WO1996039530호, 제WO1998010088호, 제WO1999014354호, 제WO1999015685호, 제WO1999047691호, 제WO2000055342호, 제WO2000075353호 및 제WO2001023597호에 교시된 임의의 것을 포함할 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0895] 일부 구현예에서, 바이러스 입자를 단리시키기 위하여 이온 교환 크로마토그래피가 사용될 수 있다. 이온 교환 크로마토그래피는 캡시드 단백질과, 통상적으로 바이러스 제제(예컨대, 정제된 용해물)가 통과하는 컬럼인 고정

상에 존재하는 하전된 부위 사이의 전하-전하 상호작용에 기초하여 바이러스 입자를 결합시키기 위해 사용된다. 바이러스 제제의 적용 후에, 결합된 바이러스 입자는 이후 전하-전하 상호작용을 파괴하기 위해 용출 용액을 가함으로써 용출될 수 있다. 용출 용액은 결합된 바이러스 입자의 회수를 향상시키기 위해 염 농도 및/또는 pH를 조절함으로써 최적화될 수 있다. 단리되는 바이러스 캡시드의 전하에 따라, 양이온 또는 음이온 교환 크로마토그래피 방법이 선택될 수 있다. 이온 교환 크로마토그래피 방법은 비제한적으로 미국 특허 제7,419,817호, 제6,143,548호, 제7,094,604호, 제6,593,123호, 제7,015,026호 및 제8,137,948호에 교시된 임의의 것을 포함할 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0896] 일부 구현예에서, 면역친화성 크로마토그래피가 사용될 수 있다. 면역친화성 크로마토그래피는 바이러스 입자를 보유하기 위해 하나 이상의 면역 화합물(예컨대, 항체 또는 항체-관련 구조)을 이용하는 크로마토그래피의 한 형태이다. 면역 화합물은 비제한적으로 하나 이상의 바이러스 코팅 단백질을 포함하는 바이러스 입자 표면 상의 하나 이상의 구조에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 경우에, 면역 화합물은 특정 바이러스 변이체에 특이적일 수 있다. 일부 경우에, 면역 화합물은 여러 바이러스 변이체에 결합할 수 있다. 일부 구현예에서, 면역 화합물은 재결합 단일-사슬 항체를 포함할 수 있다. 이러한 재조합 단일 사슬 항체는 Smith, R.H. et al., 2009. Mol. Ther. 17(11):1888-96에 기술된 것을 포함할 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다. 이러한 면역 화합물은 비제한적으로 AAV1, AAV2, AAV6 및 AAV8을 포함하는 몇몇 AAV 캡시드 변이체에 결합할 수 있다.

[0897] 일부 구현예에서, 크기배제 크로마토그래피(SEC)가 사용될 수 있다. SEC는 크기에 따라 입자를 분리하기 위해 겔의 사용을 포함할 수 있다. 바이러스 입자 정제에서, SEC 여과는 때때로 "폴리싱(polishing)"이라고도 지칭된다. 일부 경우에서, SEC는 거의 균질한 최종 생성물을 생성하기 위해 수행될 수 있다. 이러한 최종 생성물은 일부 경우, 전-임상 연구 및/또는 임상 연구에 사용될 수 있다(Kotin, R.M. 2011. Human Molecular Genetics. 20(1):R2-R6, 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다). 일부 경우에, SEC는 미국 특허 제6,143,548호, 제7,015,026호, 제8,476,418호, 제6,410,300호, 제8,476,418호, 제7,419,817호, 제7,094,604호, 제6,593,123호 및 제8,137,948호에 교시된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있으며, 이들 내용 각각이 그 전체로 참조로써 본원에 포함된다.

[0898] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제US 6146874호에 기술된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0899] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제US 6660514호에 기술된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0900] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제US 8283151호에 기술된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0901] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제US 8524446호에 기술된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있으며, 그 전체 내용이 참조로써 본원에 포함된다.

[0902] **II. 제형 및 전달**

[0903] <u>약제학적 조성물 및 제형</u>

[0904] 약제학적 조성물, 예컨대, 전달될 탑재물을 포함하는 이러한 조절성 폴리뉴클레오티드(플라스미드 또는 발현 벡터, 예컨대 바이러스, 예컨대, AAV 암호화 포함)의 설명은 주로 본원에서 인간에 투여하기에 적절한 약제학적 조성물에 관한 것이지만, 이러한 조성물은 일반적으로 임의의 다른 동물, 예컨대 비-인간 동물, 예컨대 비-인간 포유류에 투여하기에 적절하다는 것이 당업자에 의해 이해될 것이다. 조성물을 다양한 동물에 투여하기에 적절하도록 하기 위해 인간에게 투여하기에 적절한 약제학적 조성물의 변형이 잘 알려져 있으며, 통상의 숙련된 수의학 약리학자는 단지 통상적인, 임의의 실험으로 이러한 변형을 설계 및/또는 수행할 수 있다. 약제학적 조성물의 투여가 고려되는 대상은, 비제한적으로 인간 및/또는 다른 영장류; 상업적으로 관련있는 포유류, 예컨대 소, 돼지, 말, 양, 고양이, 개, 마우스, 및/또는 랫트를 포함하는 포유류; 및/또는 상업적으로 관련있는 조류, 예컨대 가금, 닭, 오리, 거위 및/또는 칠면조를 포함하는 조류를 포함한다.

[0905] 일부 구현예에서, 조성물은 인간, 인간 환자 또는 대상에 투여된다. 본 발명의 이러한 목적을 위해, 어구 "활성 성분"은 탑재물을 지닌 바이러스 벡터 또는 본원에 기술된 바와 같은 바이러스 벡터에 의해 전달된 조절성 폴리뉴클레오티드 탑재물 분자를 지칭한다.

[0906] 본원에 기술된 약제학적 조성물의 제형은 임의의 공지된 또는 후술의 약학분야에서 개발된 임의의 방법에 의해

제조될 수 있다. 일반적으로, 이러한 제조 방법은, 활성 성분을 부형제 및/또는 하나 이상의 다른 보조 성분과 결합시키는 단계, 및 이어서 필요한 및/또는 바람직한 경우, 제품을 목적하는 단일- 또는 다중-투여 단위로 분할, 성형 및/또는 포장하는 것을 포함한다.

[0907] 본 발명에 따른 약제학적 조성물중의 활성 성분, 약제학적으로 허용되는 부형제, 및/또는 임의의 추가 성분의 상대적인 양은, 치료되는 대상의 개체, 크기 및/또는 상태, 및 조성물이 투여되는 경로에 따라 달라질 것이다.

[0908] 조절성 폴리뉴클레오티드 또는 이를 암호화하는 바이러스 벡터는, (1) 안정성 증가; (2) 세포 형질감염 또는 형질도입 증가; (3) 지속적인 또는 지연된 방출 허용; 또는 (4) 생체분포 변경(예컨대 바이러스 벡터를 특정 조직 또는 세포 유형으로 표적)하기 위해 하나 이상의 부형제를 사용하여 제형화될 수 있다.

[0909] 본 발명의 제형은 제한 없이 식염수, 리피도이드, 리포좀, 지질 나노입자, 중합체, 리포플렉스, 코어-셀 나노입자, 펩티드, 단백질, 바이러스 벡터로 형질감염된 세포(예컨대, 대상으로의 이식하기 위한), 나노입자 모방체 및 이들의 조합을 포함할 수 있다. 추가로, 본 발명의 바이러스 입자는 자기-조립된 핵산 나노입자를 사용하여 제형화될 수 있다.

[0910] 본원에 기술된 약제학적 조성물의 제형은 임의의 공지된 또는 후술의 약학분야에서 개발된 임의의 방법에 의해 제조될 수 있다. 일반적으로, 이러한 제조 방법은 활성 성분을 부형제 및/또는 하나 이상의 다른 보조 성분과 결합시키는 단계를 포함한다.

[0911] 본 발명에 따른 약제학적 조성물은 단일 단위 용량 및/또는 다수의 단일 단위 용량으로써 대량으로 제조, 포장 및/또는 판매될 수 있다. 본원에 사용된 "단위 용량"은 소정량의 활성 성분을 포함하는 약제학적 조성물의 개별적인 양을 지칭한다. 활성 성분의 양은 일반적으로 대상에 투여될 활성 성분의 용량과 동일하고, 이러한 용량의 편리한 분획, 예컨대 이러한 용량의 1/2 또는 1/3이다.

[0912] 본 발명에 따른 약제학적 조성물 중의 활성 성분, 약제학적으로 허용되는 부형제 및/또는 임의의 추가 성분의 상대적인 양은, 치료되는 대상의 개체, 크기 및/또는 상태, 및 추가로 조성물이 투여되는 경로에 따라 달라질 수 있다. 예컨대, 조성물은 0.1% 내지 99%(w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다. 예컨대, 조성물은 0.1% 내지 100%, 예컨대 .5 내지 50%, 1 내지 30%, 5 내지 80%, 적어도 80%(w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다.

[0913] 일부 구현예에서, 본원에 기술된 제형은 하나 이상의 탑재물 분자를 함유할 수 있다. 비제한적인 예로서, 제형은 1, 2, 3, 4 또는 5개의 조절성 폴리뉴클레오티드 탑재물 분자를 함유할 수 있다. 하나의 구현예에서, 제형은 카테고리, 예컨대 비제한적으로 인간 단백질, 수의 단백질, 박테리아 단백질, 생물학적 단백질, 항체, 면역 단백질, 치료 펩티드 및 단백질, 분비된 단백질, 혈장 막 단백질, 세포질 및 세포골격 단백질, 세포내 막 결합 단백질, 핵 단백질, 인간 질병과 관련된 단백질 및/또는 비-인간 질병과 관련된 단백질로부터 선택된 단백질을 표적화하는 조절성 폴리뉴클레오티드 탑재물 작제물을 함유할 수 있다. 하나의 구현예에서, 제형은 단백질을 표적화하는 3개 이상의 탑재물 작제물을 포함할 수 있다.

[0914] 일부 구현예에서, 약제학적으로 허용되는 부형제는 95% 이상, 96% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상, 또는 100% 순수할 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 인간 용도 및 수의학적 용도로 승인될 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 미국 식품 의약국에 의해 승인된 것일 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 약제학적 등급인 것일 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 미국 약전(USP), 유럽 약전(EP), 영국 약전, 및/또는 국제 약전의 표준을 만족할 수 있다.

[0915] 본원에 사용된 부형제는, 목적하는 특정 투여 형태에 적절한 임의의 모든 용매, 분산 매질, 희석제 또는 다른 액상 비히클, 분산제 또는 현탁 보조제, 계면활성제, 등장제, 농후제 또는 유화제, 보존제 등을 비제한적으로 포함한다. 약제학적 조성물을 제형화하기 위한 다양한 부형제 및 조성물의 제조 기법이 당업계에 공지되어 있다 (Remington: The Science and Practice of Pharmacy, 21st Edition, A. R. Gennaro, Lippincott, Williams & Wilkins, Baltimore, MD, 2006; 이의 전체가 참조로써 본원에 포함됨). 예컨대, 임의의 목적하지 않는 생물학적 효과를 생성시키거나 다른 방식으로 약제학적 조성물의 임의의 다른 구성요소와 유해한 방식으로 상호작용함으로써, 임의의 통상적인 부형제 매질이 물질 또는 이의 유도체와 배합될 수 없는 한을 제외하고, 통상적인 부형 매질의 사용이 본 발명의 범위 내에서 고려될 수 있다.

[0916] 예시적인 희석제는, 비제한적으로 칼슘 카보네이트, 소듐 카보네이트, 칼슘 포스페이트, 다이칼슘 포스페이트, 칼슘 설페이트, 칼슘 하이드로겐 포스페이트, 소듐 포스페이트, 락토스, 당, 셀룰로스, 미세결정질 셀룰로스, 카올린, 만니톨, 솔비톨, 이노시톨, 소듐 클로라이드, 건조 전분, 옥수수 전분, 분말 당 등 및/또는 이들의 조

합을 포함한다.

[0917] 불활성 성분

[0918] 일부 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드 제형은 불활성 성분인 하나 이상의 부형제를 포함할 수 있다. 본원에 사용된 용어 "불활성 성분"은 제형에 포함된 하나 이상의 불활성제를 지칭한다. 일부 구현예에서, 본 발명의 제형에 사용될 수 있는 불활성 성분 전부, 또는 일부는 미국 식품의약국(FDA)에 의해 승인될 수 있다.

[0919] 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 지닌 바이러스 벡터의 제형은 양이온 또는 음이온을 포함할 수 있다. 하나의 구현예에서, 제형은 금속 양이온, 예컨대 비제한적으로 Zn2+, Ca2+, Cu2+, Mg+ 및 이들의 조합을 포함한다. 비제한적인 예로서, 제형은 금속 이온과 복합화된 중합체 및 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함할 수 있다(예컨대,미국특허 제6,265,389호 및 제6,555,525호 참조; 이의 각 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[0920] 전달

[0921] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 유럽특허출원 제 EP1857552호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 AAV 비리온의 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0922] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 유럽특허출원 제 EP2678433호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 AAV 벡터를 사용하는 단백질 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0923] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 5858351호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 AAV 벡터를 사용하여 DNA 분자를 전달하기 위한 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0924] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 6211163호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 혈류로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0925] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제 US 6325998호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 AAV 비리온 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0926] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 6335011호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 근육 세포로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0927] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 6610290호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 근육 세포 및 조직으로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0928] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US7704492호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 근육 세포로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0929] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 7112321호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 골격근으로 탑재물을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0930] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 7588757호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 중추신경계로 탑재물을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0931] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 8283151호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 탑재물 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0932] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 미국특허 제US 8318687호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 알츠하이머병의 치료를 위한 탑재물 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0933] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 국제특허공개 제WO2012144446호(이의

내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 탑재물 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0934] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 국제특허공개 제WO2001089583호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 글루탐산 디카복실라제(GAD) 전달 벡터를 사용하여 탑재물을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0935] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 국제특허공개 제WO2001096587호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 탑재물의 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0936] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 국제특허공개 제WO2002014487호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 근육 조직으로 탑재물을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0937] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 국제특허공개 제WO2012057363호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 신경 세포로 탑재물을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[0938] 본원에 기술된 바이러스 벡터의 약제학적 조성물은 하나 이상의 생체이용률, 치료 범위 및/또는 분포 용적에 의해 특징화될 수 있다.

[0939] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 제형화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 제형의 염기성도 및/또는 삼투압은 중추신경계 또는 중추신경계의 영역 또는 구성요소에서 최적의 약물 분포를 보장하도록 최적화될 수 있다.

[0940] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 단일 경로 투여를 통해 대상에 전달될 수 있다.

[0941] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 다중 경로 투여를 통해 대상에 전달될 수 있다. 대상은 조절성 폴리뉴클레오티드가 2, 3, 4, 5 또는 5 초과의 부위에 전달될 수 있다.

[0942] 하나의 구현예에서, 대상은 볼루스 주입을 사용하여 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터가 투여될 수 있다.

[0943] 하나의 구현예에서, 대상은 수 분, 수 시간 또는 수 일의 기간에 걸친 지속적인 전달을 사용하여 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터가 투여될 수 있다. 주입 속도는 대상, 분포, 제형 또는 또 다른 전달 척도에 따라 변할 수 있다.

[0944] 하나의 구현예에서, 카테터는 다중-부위 전달을 위해 척추의 하나 이상의 부위에 위치할 수 있다. 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 연속적인 및/또는 볼루스 주입으로 투여될 수 있다. 각 전달 부위는 투여 요법에 따라 상이할 수 있으며, 동일한 투여 요법이 각 전달 부위에 사용될 수 있다. 비제한적인 예로서, 전달 부위는 경부 및 요추 영역내일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 전달 부위는 경부 영역내일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 전달 부위는 요추 영역내일 수 있다.

[0945] 하나의 구현예에서, 대상은 본원에 기술된 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터를 전달하기 전에, 척추 해부학 및 병리학에 대해 분석될 수 있다. 비제한적인 예로서, 척추측만증을 갖는 대상은 척추측만증이 없는 환자와 비교하여 상이한 투여 요법 및/또는 카테터 위치를 가질 수 있다.

[0946] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터의 전달 동안 대상의 척추 방향은 지면에 수직일 수 있다.

[0947] 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터의 전달 동안 대상의 척추 방향은 지면에 수평일 수 있다.

[0948] 하나의 구현예에서, 대상의 척추는 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터의 대상으로의 전달 동안 지면과 비교하여 일정 각도에 있을 수 있다. 지면과 비교한 대상의 척추 각도는 적어도 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 120, 130, 140, 150 또는 180 도일 수 있다.

[0949] 하나의 구현예에서, 전달 방법 및 지속기간은 척수에서 광범위한 형질도입을 제공하도록 선택된다. 비제한적인 예로서, 척수강내 전달은 척수의 부 리(rostral)-꼬리(caudal) 길이를 따라 광범위한 형질도입을 제공하는데 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 다중-부위 주입은 척수의 부리-꼬리 길이를 따라 보다 균일한 형질

도입을 제공한다. 또 다른 비제한적인 예로서, 연장된 주입은 척수의 부리-꼬리 길이를 따라 보다 균일한 형질 도입을 제공한다.

[0950] *세포로의 도입*

[0951] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 임의의 다양한 접근법을 사용하여 숙주 세포 내로 도입될 수 있다. 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터로 감염시키는 것이 영향을 받을 수 있다. 적절한 바이러스 벡터의 예는 복제 결함 레트로바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-관련 벡터 및 렌티바이러스 벡터를 포함한다.

[0952] 본 발명에 따르면, 치료 및/또는 진단에 사용하기 위한 바이러스 벡터는 관심있는 핵산 탑재물 또는 화물(cargo)의 형질 도입을 위해 필요한 최소한의 구성 요소로 희석되거나 감소된 바이러스를 포함한다.

[0953] 이러한 방식으로, 바이러스 벡터는 야생형 바이러스에서 발견되는 해로운 복제 및/또는 통합 특징이 결여된 채 특이적 전달을 위한 비히클로서 조작된다.

[0954] 본원에 사용된 "벡터"는 이종 분자, 예컨대 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드 분자의 운반체로써 수송, 형질 도입 또는 다른 방식으로 작용하는 임의의 분자 또는 모이어티이다 "바이러스 벡터"는 관심있는 탑재물 분자, 예컨대 전이유전자, 폴리펩티드 또는 다중-폴리펩티드 또는 조절성 핵산을 암호화하는 폴리뉴클레오티드를 암호화하거나 포함하는 하나 이상의 폴리뉴클레오티드 영역을 포함하는 벡터이다. 본 발명의 바이러스 벡터는 재조합적으로 생산될 수고, 아데노-관련 바이러스(AAV) 모체(parent) 또는 참조 서열에 기초할 수 있다. 본 발명에 유용할 수 있는 혈청형은 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ, AAV-DJ8, AAV-PHP.A 및/또는 AAV-PHP.B로부터 발생하는 임의의 것들을 포함한다.

[0955] 하나의 구현예에서, 본 발명에서 유용한 혈청형은 AAV-DJ8일 수 있다. AAV-DJ8의 아미노산 서열은 헤파린 결합 도메인(HBD)을 제거하기 위한 2개 이상의 돌연변이를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 미국특허 제 7,588,772호(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에서 서열번호 1로 기술된 AAV-DJ 서열은, 2개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) 587번 아미노산에서 아르기닌(R; arg)이 글루타민(Q; gln)으로 바뀐 R587Q, 및 (2) 590번 아미노산에서 아르기닌(R; arg)이 트레오닌(T; thr)으로 바뀐 R590T. 또 다른 비제한적인 예로서 3개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) 406번 아미노산에서 리신(K; lys)이 아르기닌(R; arg)으로 바뀐 K406R, (2) 587번 아미노산에서 아르기닌(R; arg)이 글루타민(Q; gln)으로 바뀐 R587Q, 및 (3) 590번 아미노산 590에서 아르기닌(R; arg)이 트레오닌(T; thr)으로 바뀐 R590T.

[0956] AAV 벡터는 또한 자기-상보적인 AAV 벡터(scAAV)를 포함할 수 있다. scAAV 벡터는 함께 어닐링(annealing)되어 이중 가닥의 DNA를 형성하는 두 DNA 가닥을 함유한다. 제2가닥 합성을 생략함으로써, scAAV는 세포에서 신속한 발현을 가능케 한다.

[0957] 하나의 구현예에서, 본 발명에 사용된 AAV 벡터는 scAAV이다.

[0958] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 임의의 관련 종, 예컨대 비제한적으로 인간, 개, 마우스, 랫트 또는 원숭이로부터 유래한 세포 내로 도입될 수 있다.

[0959] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 치료될 질병과 관련된 세포 내로 도입될 수 있다. 비제한적인 예로서, 질환은 ALS이고, 표적 세포는 운동 뉴런 및 성상세포이다.

[0960] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 표적 서열의 높은 수준의 내인성 발현을 갖는 세포 내로 도입될 수 있다.

[0961] 또 다른 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드는 표적 서열의 낮은 수준의 내인성 발현을 갖는 세포 내로 도입될 수 있다.

[0962] 하나의 구현예에서, 세포는 높은 효율의 AAV 형질도입을 갖는 세포일 수 있다.

[0963] 하나의 구현예에서, 조절성 폴리뉴클레오티드의 시험관내 분석에 사용될 수 있는 세포는 비제한적으로 HEK293, HeLa, 인간 1차 성상세포, 인간 성상세포주(U251MG), SH-SY5Y-뉴런 및 인간 iPSC-유도 운동 뉴런 전구체를 포함한다.

[0964] **III. 투여 및 투약량**

[0965] 투여

[0966] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 벡터는 치료적 효과를 가져오는 결과를 초래하는 임의의 경로에 의해 투여될 수 있다. 이는 비제한적으로, 장내(장관내), 위장내, 경막외(경질막내에), 경구(입을 통해), 경피, 경막주위, 뇌내(대뇌내), 뇌실내(대뇌강내로), 피내단자(피부에 도포), 진피내(피부 자체내) 피하(피부아래), 비강 투여 (코를 통해), 정맥내(정맥내로), 정맥내 대량주입, 정맥내 점적주입, 동맥내(동맥내에), 근육내(근육안에), 심장내(심장안에), 골내(골수내로), 척수강내(척추관내로), 연막하(연막과 하부 조직 사이), 복강내(복막내 주입 또는 주사), 방광내 주입, 유리체내(안구를 통해), 해면정맥동내 주사(병적강내에), 강내(음경 기저부내), 질내투여, 자궁내, 양막외 투여, 경피내(전신 분포를 위한 손상되지 않은 피부를 통한 확산), 점막관통(점막을 통한 확산), 질경유, 흡입제(코 흡입), 혀 밑, 입술밑, 관장, 눈점안액(결막위), 귀점적, 귓바퀴(이도안에 또는 이를 경유하여), 협측(볼쪽을 향하여), 결막, 피부, 이(치아 또는 이빨로), 전기삼투, 자궁경경내막, 맥내, 기관내, 체외, 혈액투석, 침습, 사이질, 복강내, 양막내, 관절내, 난관내, 기관지내, 활액낭내, 연골내(관절안에), 마미내(마미내에), 수조내(소뇌숨뇌수조 큰수조 내에), 각막내(각막내로), 치아관상, 심장 동맥내(관상동맥내로), 해면채내(음경내 해면체의 확장가능한 공간내), 층판내(디스크내에), 선관내(샘관내), 십이지장내(십이지장안에), 경막내(경막내 또는 경막밑), 표피내(표피에), 식도내(식도에), 위내(위안에), 잇몸내(치은안에), 회장내(소장의 말초부분내), 병변내(국부적인 병변내 또는 직접 도입), 내강내(관의 내강 안에), 림프액내(림프내로), 골수내(골수강내로), 수막내(수막내에), 안구내(안구내로), 난소내(난소내로), 심낭막내(심낭막내로), 흉막내(흉막내에), 전립선내(전립선내로), 폐내(폐 또는 기관지내), 내흉(비강 또는 안와 부비동내로), 척수내(척추내에), 활액내(관절강 활액내로), 힘줄내(힘줄내로), 고환내(고환안에), 수막공간내(임의의 수준의 뇌척수축에서의 뇌척수액내), 흉곽내(가슴우리 내에), 관내(기관의 세관내로), 종양내(종양내로), 고막내(청각매질내로), 혈관내(혈관 또는 혈관들내로), 심실내(심실내로), 이온삼투압(가용성 염 이온이 신체의 조직으로 이동하는 전류에 의해), 세척(개방상처 또는 체강을 세척하거나 씻어내서), 후두(후두에 직접), 비위관(코를 통해 위장으로), 교합적 드레싱 기술(국소 경로 관리는 그영역을 덮는 드레싱에 의해 덮힘), 안구(눈 외부에), 구강인두(입과 인두에 직접), 비경구, 경피, 관절주위, 경막주위, 회음부, 치주, 직장, 호흡기(국소 또는 전신효과를 위해 구강내 또는 비강흡입용 호흡기 안에), 연수후부(교뇌 뒤 또는 안구 뒤), 연조직, 지주막하, 결막하, 점막하, 국소, 경태반(태반을 통과 또는 통해), 기관지경(기관벽을 통해), 고실경유(고실을 통과 또는 통해), 요관(요관으로), 요도(요도로), 질, 미추차단, 진단, 신경차단, 담즙관류, 심장관류, 광분반술 또는 척추를 포함한다. 특정 구현예에서, 조성물은 이들이 혈액-뇌 장벽, 혈관 장벽 또는 다른 상피 장벽을 가로지를 수 있도록 하는 방식으로 투여될 수 있다. 하나의 구현예에서, 투여 경로를 위한 제형은 하나 이상의 불활성 성분을 포함할 수 있다.

[0967] 투약

[0968] 본 발명은 본 발명에 따른 바이러스 벡터 및 이의 조절성 폴리뉴클레오티드 탑재물 또는 복합체를 이를 필요로 하는 대상에 투여하는 것을 포함하는 방법을 제공한다. 바이러스 벡터의 약제학적, 영상적, 진단적 또는 예방적 조성물은, 질병, 장애 및/또는 상태(예컨대, 작업 기억 결핍과 관련된 질병, 장애 및/또는 상태)를 예방, 치료, 진단 또는 영상화하기에 효과적인 임의의 양 또는 투여 경로를 사용하여 대상에 투여될 수 있다. 필요한 정확한 양은 종, 연령 및 대상의 일반적인 상태, 질환의 중증도, 특정 조성물, 이의 투여 형태, 이의 활성 형태 등에 따라 대상마다 다를 것이다. 본 발명에 따른 조성물은 투여 용이성 및 투여량의 균질성의 편의를 위해 전형적으로 단위 제형(unit dosage form)으로 제형화된다. 그러나, 본 발명의 조성물의 총 일일 사용량은 건전한 의학적 판단의 범위 내에서 주치의에 의해 결정될 수 있음이 이해될 것이다. 임의의 특정 환자에 대해 특이적인 치료 효과, 예방 효과 또는 적절한 영상화 용량 수준은 치료될 장애 및 장애의 중증도; 사용될 특정 화합물의 활성; 사용될 특이적 조성물; 환자의 연령, 체중, 일반적인 건강, 성별 및 식이; 투여 시간, 투여 경로 및 사용될 특정한 조절성 폴리뉴클레오티드 탑재물의 배설 속도; 치료 기간; 사용될 특정 화합물과 병용하여 또는 동시에 사용되는 약물; 등 의학 업계에 잘 공지된 인자를 비롯하여, 다양한 인자에 달려 있을 것이다.

[0969] 특정 구현예에서, 본 발명에 따른 바이러스 벡터의 약제학적 조성물은 전달에 충분한 조절성 폴리뉴클레오티드 용량 수준인 하루 당 대상 체중의 약 0.0001 mg/kg 내지 약 100 mg/kg, 약 0.001 mg/kg 내지 약 0.05 mg/kg, 약 0.005 mg/kg 내지 약 0.05 mg/kg, 약 0.001 mg/kg 내지 약 0.005 mg/kg, 약 0.05 mg/kg 내지 약 0.5 mg/kg, 약 0.01 mg/kg 내지 약 50 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 40 mg/kg, 약 0.5 mg/kg 내지 약 30 mg/kg, 약 0.01 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 또는 약 1 mg/kg 내지 약 25 mg/kg으로 하루에 1회 이상 투여되어 목적하는 치료적, 진단적, 예방적 또는 영상적 효과를 얻을 수 있다(예컨대, 국제공개특허 제 WO2013078199호에 단위 용량의 범위가 기술되어 있으며, 이의 전체가 참조로써 본원에 포함되어 있다). 목적하

는 조절성 폴리뉴클레오티드 용량은 1회 이상(예컨대 하루에 1회 이상) 전달될 수 있다. 특정 구현예에서, 목적하는 조절성 폴리뉴클레오티드 용량은 다중 투여(예컨대, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14회 또는 그 이상 투여)를 사용하여 전달될 수 있다. 다중 투여가 사용되는 경우, 본원에 기술된 바와 같은 분할 투여 요법이 사용될 수 있다. 본원에 사용된 "분할 용량"은 단일 단위 용량 또는 일일 용량을 2회 이상의 용량, 예컨대 단일 단위 용량의 2회 이상의 투약으로 나눈 것이다. 본원에 사용된 "단일 단위 용량"은 1회 용량/1회/단일 경로/단일 접촉점으로, 즉 단일 투여건으로 투여된 임의의 조절성 폴리뉴클레오티드 치료제의 용량이다. 본원에 사용된 "총 일일 용량"은 24시간 주기 내에 주어진 또는 처방된 양이다. 이는 단일 단위 용량으로서 투여될 수 있다. 하나의 구현예에서, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 분할 용량으로 대상에 투여된다. 이들은 오직 완충액중에서 또는 본원에 기술된 제형중에서 제형화될 수 있다.

[0970] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 [VG/시간 = mL/시간 * VG/mL](여기서, VG는 바이러스 게놈이고, VG/mL은 조성물 농도이고, mL/시간은 연장된 전달의 속도이다)]로 정의된 전달 속도를 포함한다.

[0971] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 약 $1x10^{6}$ VG 내지 약 $1x10^{16}$ VG의 대상 당 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 전달은 약 $1x10^{6}$, $2x10^{6}$, $3x10^{6}$, $4x10^{6}$, $5x10^{6}$, $6x10^{6}$, $7x10^{6}$, $8x10^{6}$, $9x10^{6}$, $1x10^{7}$, $2x10^{7}$, $3x10^{7}$, $4x10^{7}$, $5x10^{7}$, $6x10^{7}$, $7x10^{7}$, $8x10^{7}$, $9x10^{7}$, $1x10^{8}$, $2x10^{8}$, $3x10^{8}$, $4x10^{8}$, $5x10^{8}$, $6x10^{8}$, $7x10^{8}$, $8x10^{8}$, $9x10^{8}$, $1x10^{9}$, $2x10^{9}$, $3x10^{9}$, $4x10^{9}$, $5x10^{9}$, $6x10^{9}$, $7x10^{9}$, $8x10^{9}$, $9x10^{9}$, $1x10^{10}$, $2x10^{10}$, $3x10^{10}$, $4x10^{10}$, $5x10^{10}$, $6x10^{10}$, $7x10^{10}$, $8x10^{10}$, $9x10^{10}$, $1x10^{11}$, $1.1x10^{11}$, $1.2x10^{11}$, $1.3x10^{11}$, $1.4x10^{11}$, $1.5x10^{11}$, $1.6x10^{11}$, $1.7x10^{11}$, $1.8x10^{11}$, $1.9x10^{11}$, $2x10^{11}$, $2.1x10^{11}$, $2.2x10^{11}$, $2.3x10^{11}$, $2.4x10^{11}$, $2.5x10^{11}$, $2.6x10^{11}$, $2.7x10^{11}$, $2.8x10^{11}$, $2.9x10^{11}$, $3x10^{11}$, $4x10^{11}$, $5x10^{11}$, $6x10^{11}$, $7x10^{11}$, $7.1x10^{11}$, $7.2x10^{11}$, $7.3x10^{11}$, $7.4x10^{11}$, $7.5x10^{11}$, $7.6x10^{11}$, $7.7x10^{11}$, $7.8x10^{11}$, $7.9x10^{11}$, $8x10^{11}$, $9x10^{11}$, $1x10^{12}$, $1.1\ x10^{12}$, $1.2x10^{12}$, $1.3x10^{12}$, $1.4x10^{12}$, $1.5x10^{12}$, $1.6x10^{12}$, $1.7x10^{12}$, $1.8x10^{12}$, $1.9x10^{12}$, $2x10^{12}$, $2.1x10^{12}$, $2.2x10^{12}$, $2.3x10^{12}$, $2.4x10^{12}$, $2.5x10^{12}$, $2.6x10^{12}$, $2.7x10^{12}$, $2.8x10^{12}$, $2.9x10^{12}$, $3x10^{12}$, $3.1x10^{12}$, $3.2x10^{12}$, $3.3x10^{12}$, $3.4x10^{12}$, $3.5x10^{12}$, $3.6x10^{12}$, $3.7x10^{12}$, $3.8x10^{12}$, $3.9x10^{12}$, $4x10^{12}$, $4.1x10^{12}$, $4.2x10^{12}$, $4.3x10^{12}$, $4.4x10^{12}$, $4.5x10^{12}$,$4.6x10^{12}$, $4.7x10^{12}$, $4.8x10^{12}$, $4.9x10^{12}$, $5x10^{12}$, $6x10^{12}$, $6.1x10^{12}$, $6.2x10^{12}$, $6.3x10^{12}$, $6.4x10^{12}$, $6.5x10^{12}$, $6.6x10^{12}$, $6.7x10^{12}$, $6.8x10^{12}$, $6.9x10^{12}$, $7x10^{12}$, $8x10^{12}$, $8.1x10^{12}$, $8.2x10^{12}$, $8.3x10^{12}$, $8.4x10^{12}$, $8.5x10^{12}$, $8.6x10^{12}$, $8.7x10^{12}$, $8.8\ x10^{12}$, $8.9x10^{12}$, $9x10^{12}$, $1x10^{13}$, $1.1x10^{13}$, $1.2x10^{13}$, $1.3x10^{13}$, $1.4x10^{13}$, $1.5x10^{13}$, $1.6x10^{13}$, $1.7x10^{13}$, $1.8x10^{13}$, $1.9x10^{13}$, $2x10^{13}$, $3x10^{13}$, $4x10^{13}$, $5x10^{13}$, $6x10^{13}$, $6.7x10^{13}$, $7x10^{13}$, $8x10^{13}$, $9x10^{13}$, $1x10^{14}$, $2x10^{14}$, $3x10^{14}$, $4x10^{14}$, $5x10^{14}$, $6x10^{14}$, $7x10^{14}$, $8x10^{14}$, $9x10^{14}$, $1x10^{15}$, $2x10^{15}$, $3x10^{15}$, $4x10^{15}$, $5x10^{15}$, $6x10^{15}$, $7x10^{15}$, $8x10^{15}$, $9x10^{15}$, 또는 $1x10^{16}$ VG/대상의 조성물 농도를 포함할 수 있다.

[0972] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 약 $1x10^{6}$ VG/kg 내지 약 $1x10^{16}$ VG/kg의 대상 당 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 전달은 약 $1x10^{6}$, $2x10^{6}$, $3x10^{6}$, $4x10^{6}$, $5x10^{6}$, $6x10^{6}$, $7x10^{6}$, $8x10^{6}$, $9x10^{6}$, $1x10^{7}$, $2x10^{7}$, $3x10^{7}$, $4x10^{7}$, $5x10^{7}$, $6x10^{7}$, $7x10^{7}$, $8x10^{7}$, $9x10^{7}$, $1x10^{8}$, $2x10^{8}$, $3x10^{8}$, $4x10^{8}$, $5x10^{8}$, $6x10^{8}$, $7x10^{8}$, $8x10^{8}$, $9x10^{8}$, $1x10^{9}$, $2x10^{9}$, $3x10^{9}$, $4x10^{9}$, $5x10^{9}$, $6x10^{9}$, $7x10^{9}$, $8x10^{9}$, $9x10^{9}$, $1x10^{10}$, $2x10^{10}$, $3x10^{10}$, $4x10^{10}$, $5x10^{10}$, $6x10^{10}$, $7x10^{10}$, $8x10^{10}$, $9x10^{10}$, $1x10^{11}$, $1.1x10^{11}$, $1.2x10^{11}$, $1.3x10^{11}$, $1.4x10^{11}$, $1.5x10^{11}$, $1.6x10^{11}$, $1.7x10^{11}$, $1.8x10^{11}$, $1.9x10^{11}$, $2x10^{11}$, $2.1x10^{11}$, $2.2x10^{11}$, $2.3x10^{11}$, $2.4x10^{11}$, $2.5x10^{11}$, $2.6x10^{11}$, $2.7x10^{11}$, $2.8x10^{11}$, $2.9x10^{11}$, $3x10^{11}$, $4x10^{11}$, $5x10^{11}$, $6x10^{11}$, $7x10^{11}$, $7.1x10^{11}$, $7.2x10^{11}$, $7.3x10^{11}$, $7.4x10^{11}$, $7.5x10^{11}$, $7.6x10^{11}$, $7.7x10^{11}$, $7.8x10^{11}$, $7.9x10^{11}$, $8x10^{11}$, $9x10^{11}$, $1x10^{12}$, $1.1\ x10^{12}$, $1.2x10^{12}$, $1.3x10^{12}$, $1.4x10^{12}$, $1.5x10^{12}$, $1.6x10^{12}$, $1.7x10^{12}$, $1.8x10^{12}$, $1.9x10^{12}$, $2x10^{12}$, $2.1x10^{12}$, $2.2x10^{12}$, $2.3x10^{12}$, $2.4x10^{12}$, $2.5x10^{12}$, $2.6x10^{12}$, $2.7x10^{12}$, $2.8x10^{12}$, $2.9x10^{12}$, $3x10^{12}$, $3.1x10^{12}$, $3.2x10^{12}$, $3.3x10^{12}$, $3.4x10^{12}$,

$3.5x10^{12}$, $3.6x10^{12}$, $3.7x10^{12}$, $3.8x10^{12}$, $3.9x10^{12}$, $4x10^{12}$, $4.1x10^{12}$, $4.2x10^{12}$, $4.3x10^{12}$, $4.4x10^{12}$, $4.5x10^{12}$,$4.6x10^{12}$, $4.7x10^{12}$, $4.8x10^{12}$, $4.9x10^{12}$, $5x10^{12}$, $6x10^{12}$, $6.1x10^{12}$, $6.2x10^{12}$, $6.3x10^{12}$, $6.4x10^{12}$, $6.5x10^{12}$, $6.6x10^{12}$, $6.7x10^{12}$, $6.8x10^{12}$, $6.9x10^{12}$, $7x10^{12}$, $8x10^{12}$, $8.1x10^{12}$, $8.2x10^{12}$, $8.3x10^{12}$, $8.4x10^{12}$, $8.5x10^{12}$, $8.6x10^{12}$, $8.7x10^{12}$, $8.8\ x10^{12}$, $8.9x10^{12}$, $9x10^{12}$, $1x10^{13}$, $1.1x10^{13}$, $1.2x10^{13}$, $1.3x10^{13}$, $1.4x10^{13}$, $1.5x10^{13}$, $1.6x10^{13}$, $1.7x10^{13}$, $1.8x10^{13}$, $1.9x10^{13}$, $2x10^{13}$, $3x10^{13}$, $4x10^{13}$, $5x10^{13}$, $6x10^{13}$, $6.7x10^{13}$, $7x10^{13}$, $8x10^{13}$, $9x10^{13}$, $1x10^{14}$, $2x10^{14}$, $3x10^{14}$, $4x10^{14}$, $5x10^{14}$, $6x10^{14}$, $7x10^{14}$, $8x10^{14}$, $9x10^{14}$, $1x10^{15}$, $2x10^{15}$, $3x10^{15}$, $4x10^{15}$, $5x10^{15}$, $6x10^{15}$, $7x10^{15}$, $8x10^{15}$, $9x10^{15}$, 또는 $1x10^{16}$ VG/kg의 조성물 농도를 포함할 수 있다.

[0973] 하나의 구현예에서, 용량 당 약 10^5 내지 10^6의 바이러스 게놈(단위)이 투여될 수 있다.

[0974] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 약 $1x10^6$ VG/mL 내지 약 $1x10^{16}$ VG/mL의 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 전달은 약 $1x10^6$, $2x10^6$, $3x10^6$, $4x10^6$, $5x10^6$, $6x10^6$, $7x10^6$, $8x10^6$, $9x10^6$, $1x10^7$, $2x10^7$, $3x10^7$, $4x10^7$, $5x10^7$, $6x10^7$, $7x10^7$, $8x10^7$, $9x10^7$, $1x10^8$, $2x10^8$, $3x10^8$, $4x10^8$, $5x10^8$, $6x10^8$, $7x10^8$, $8x10^8$, $9x10^8$, $1x10^9$, $2x10^9$, $3x10^9$, $4x10^9$, $5x10^9$, $6x10^9$, $7x10^9$, $8x10^9$, $9x10^9$, $1x10^{10}$, $2x10^{10}$, $3x10^{10}$, $4x10^{10}$, $5x10^{10}$, $6x10^{10}$, $7x10^{10}$, $8x10^{10}$, $9x10^{10}$, $1x10^{11}$, $1.1x10^{11}$, $1.2x10^{11}$, $1.3x10^{11}$, $1.4x10^{11}$, $1.5x10^{11}$, $1.6x10^{11}$, $1.7x10^{11}$, $1.8x10^{11}$, $1.9x10^{11}$, $2x10^{11}$, $3x10^{11}$, $4x10^{11}$, $5x10^{11}$, $6x10^{11}$, $7x10^{11}$, $8x10^{11}$, $9x10^{11}$, $1x10^{12}$, $1.1x10^{12}$, $1.2x10^{12}$, $1.3x10^{12}$, $1.4x10^{12}$, $1.5x10^{12}$, $1.6x10^{12}$, $1.7x10^{12}$, $1.8x10^{12}$, $1.9x10^{12}$, $2x10^{12}$, $2.1x10^{12}$, $2.2x10^{12}$, $2.3x10^{12}$, $2.4x10^{12}$, $2.5x10^{12}$, $2.6x10^{12}$, $2.7x10^{12}$, $2.8x10^{12}$, $2.9x10^{12}$, $3x10^{12}$, $3.1x10^{12}$, $3.2x10^{12}$, $3.3x10^{12}$, $3.4x10^{12}$, $3.5x10^{12}$, $3.6x10^{12}$, $3.7x10^{12}$, $3.8x10^{12}$, $3.9x10^{12}$, $4x10^{12}$, $4.1x10^{12}$, $4.2x10^{12}$, $4.3x10^{12}$, $4.4x10^{12}$, $4.5x10^{12}$, $4.6x10^{12}$, $4.7x10^{12}$, $4.8x10^{12}$, $4.9x10^{12}$, $5x10^{12}$, $6x10^{12}$, $6.1x10^{12}$, $6.2x10^{12}$, $6.3x10^{12}$, $6.4x10^{12}$, $6.5x10^{12}$, $6.6x10^{12}$, $6.7x10^{12}$, $6.8x10^{12}$, $6.9x10^{12}$, $7x10^{12}$, $8x10^{12}$, $9x10^{12}$, $1x10^{13}$, $1.1x10^{13}$, $1.2x10^{13}$, $1.3x10^{13}$, $1.4x10^{13}$, $1.5x10^{13}$, $1.6x10^{13}$, $1.7x10^{13}$, $1.8x10^{13}$, $1.9x10^{13}$, $2x10^{13}$, $3x10^{13}$, $4x10^{13}$, $5x10^{13}$, $6x10^{13}$, $6.7x10^{13}$, $7x10^{13}$, $8x10^{13}$, $9x10^{13}$, $1x10^{14}$, $2x10^{14}$, $3x10^{14}$, $4x10^{14}$, $5x10^{14}$, $6x10^{14}$, $7x10^{14}$, $8x10^{14}$, $9x10^{14}$, $1x10^{15}$, $2x10^{15}$, $3x10^{15}$, $4x10^{15}$, $5x10^{15}$, $6x10^{15}$, $7x10^{15}$, $8x10^{15}$, $9x10^{15}$, 또는 $1x10^{16}$ VG/mL의 조성물 농도를 포함할 수 있다.

[0975] <u>생체이용률</u>

[0976] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는, 전달/제형화 제제 또는 본원에 기술된 비히클과 함께 조성물로 제형화되는 경우, 본원에 기술된 전달제가 결핍된 조성물과 비교하여 증가된 생체이용률을 나타낼 수 있다. 본원에 사용된 용어 "생체이용률" 은 대상에 투여된 특정 제제의 주어진 양의 전신 이용가능성을 지칭한다. 생체이용률은 화합물을 포유류에 투여한 후 화합물의 변화되지 않은 형태의 곡선 아래 면적(AUC) 또는 최대 혈청 또는 혈장 농도($C_{최대}$)를 측정함으로써 평가될 수 있다. AUC는 횡축(X-축)에 따른 시간에 대한 종축(Y-축)에 따른 화합물의 혈청 또는 혈장 농도를 플로팅하는 곡선 아래 면적의 측정이다. 일반적으로, 특정 화합물에 대한 AUC는 당업계의 당업자에게 공지된 방법 및 G. S. Banker, Modern Pharmaceutics, Drugs and the Pharmaceutical Sciences, v. 72, Marcel Dekker, New York, Inc., 1996(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기술된 방법을 사용하여 계산될 수 있다.

[0977] $C_{최대}$ 값은 대상에 화합물을 투여한 후 대상의 혈청 또는 혈장에서 달성된 화합물의 최대 농도이다. 특정 화합물의 $C_{최대}$ 값은 당업자에게 공지된 방법을 사용하여 측정될 수 있다. 본원에 사용된 어구 "생체이용률을 증가시키다" 또는 "약물동력학을 개선하다"는 대상에서 본 발명의 바이러스 벡터의 전신 이용가능성을 증가시킬 수 있는 활동을 지칭한다(AUC, $C_{최대}$, 또는 $C_{최소}$에 의해 측정됨). 일부 구현예에서, 이러한 활동은 본원에 기술된 하나 이상의 전달제와의 동시 투여를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 바이러스 벡터의 생체이용률은 약 2% 이상, 약 5% 이상, 약 10% 이상, 약 15% 이상, 약 20% 이상, 약 25% 이상, 약 30% 이상, 약 35% 이상, 약 40% 이상, 약 45% 이상, 약 50% 이상, 약 55% 이상, 약 60% 이상, 약 65% 이상, 약 70% 이상, 약 75% 이상, 약 80% 이상, 약

85% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 또는 약 100%까지 증가할 수 있다.

[0978] *치료 범위*

[0979] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는, 본원에 기술된 하나 이상의 전달제와 함께 제형화되는 경우, 본원에 기술된 하나 이상의 전달제 없이 투여된 바이러스 벡터의 치료 범위와 비교하여 화합물 및/또는 조성물의 치료 범위의 증가를 보일 수 있다. 본원에 기술된 "치료 범위"는 혈장 농도 범위 또는 작용 부위에서 치료적 활성 물질 수준의 범위를 나타내며, 치료 효과를 유도할 가능성이 높다. 일부 구현예에서, 바이러스 벡터의 치료 범위는, 제형화되어 투여될 경우, 약 2% 이상, 약 5% 이상, 약 10% 이상, 약 15% 이상, 약 20% 이상, 약 25% 이상, 약 30% 이상, 약 35% 이상, 약 40% 이상, 약 45% 이상, 약 50% 이상, 약 55% 이상, 약 60% 이상, 약 65% 이상, 약 70% 이상, 약 75% 이상, 약 80% 이상, 약 85% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상 또는 100% 까지 증가할 수 있다.

[0980] *분포 용적*

[0981] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는, 본원에 기술된 하나 이상의 전달제와 함께 제형화되는 경우, 본원에 기술된 하나 이상의 전달제가 결핍된 제형과 비교하여 예컨대, 감소 또는 표적화된, 개선된 분포 용적($V_{분포}$)을 보일 수 있다. ($V_{분포}$)는 혈중 또는 혈장에서 동일한 제제의 농도에 대한 체내에서 제제의 양과 관련된다. 본원에 사용된 "분포 용적"은 혈중 또는 혈장과 동일한 농도로 체내 제제의 총량을 함유하는 것을 필요로 하는 유체의 용적을 지칭한다: $V_{분포}$는 혈중 또는 혈장내 제제의 신체/농도에서의 제제의 양과 동일하다. 예컨대, 주어진 제제의 10 mg 투여량 및 10 mg/L의 혈장 농도에 대해, 분포 용적은 1 리터가 될 것이다. 분포 용적은 혈관외 조직에 제제가 존재하는 정도를 반영한다. 분포의 큰 용적은 제제가 혈장 단백질에 비해 조직 구성요소에 결합하는 경향을 반영한다. 임상 설정에서, $V_{분포}$는 정상 상태(steady state) 농도를 달성하기 위한 부하 용량을 결정하는데 사용될 수 있다. 일부 구현예에서, 본 발명의 바이러스 벡터 조성물의 분포 용적은 본원에 기술된 하나 이상의 전달제와 동시 투여되는 경우 약 2% 이상, 약 5% 이상, 약 10% 이상, 약 15% 이상, 약 20% 이상, 약 25% 이상, 약 30% 이상, 약 35% 이상, 약 40% 이상, 약 45% 이상, 약 50% 이상, 약 55% 이상, 약 60% 이상, 약 65% 이상, 약 70% 이상까지 감소할 수 있다.

[0982] 병용

[0983] 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터는 하나 이상의 다른 치료제, 예방제, 진단제 또는 영상 제제와 병용하여 사용될 수 있다. "와 병용하여"라는 것은, 이러한 전달 방법이 본 발명의 범위 내에 있음에도 불구하고, 제제가 반드시 동시에 투여되고/되거나 함께 전달되도록 제형화되어야함을 의미하는 것으로 의도되지 않는다. 조성물은 하나 이상의 다른 목적하는 치료제 또는 의학적 처치와 동시에, 그전에 또는 후에 투여될 수 있다. 일반적으로 각 제제는 제제에 대해 결정된 투여량 및/또는 시간 스케쥴로 투여될 것이다. 일부 구현예에서, 본 발명은 이의 생체이용률을 개선할 수 있고, 이의 대사를 감소 및/또는 개선할 수 있고, 이의 배설을 저해할 수 있고/있거나 체내에서 이의 분포를 변형시킬 수 있는 제제와 병용하여 약제학적, 예방적, 진단적 또는 영상적 조성물의 전달을 포함한다.

[0984] **IV. 사용 방법**

[0985] 표적 유전자의 발현 감소

[0986] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포에서 유전자 발현을 저해/차단하는 방법을 제공한다. 따라서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 세포, 특히 신경 세포에서 유전자 발현을 실질적으로 저해하기 위하여 사용될 수 있다. 일부 양태에서, 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15%, 예컨대 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55

내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 만큼의 저해를 의미한다. 따라서, 표적 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15%, 바람직하게는 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 저해될 수 있다.

[0987] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포, 특히 중형돌기 신경세포(medium spiny neuron)에서 유전자 발현을 저해/차단하는 방법을 제공한다. 일부 양태에서, 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15%, 예컨대 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 만큼의 저해를 의미한다. 따라서, 표적 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15%, 바람직하게는 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 저해될 수 있다.

[0988] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포, 특히 운동신경세포에서 유전자 발현을 저해/차단하는 방법을 제공한다. 일부 양태에서, 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15%, 예컨대 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%,

50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 만큼의 저해를 의미한다. 따라서, 표적 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15%, 바람직하게는 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 저해될 수 있다.

[0989] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포, 특히 별아교세포에서 유전자 발현을 저해/차단하는 방법을 제공한다. 일부 양태에서, 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15%, 예컨대 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 만큼의 저해를 의미한다. 따라서, 표적 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15%, 바람직하게는 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 저해될 수 있다.

[0990] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA가 단백질의 발현을 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지

60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소시키는데 사용될 수 있다. 비제한적인 예로서, 단백질 발현의 발현은 50 내지 90% 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, 단백질 발현의 발현은 30 내지 70% 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, 단백질 발현의 발현은 20 내지 70% 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, 단백질 발현의 발현은 15 내지 30% 감소될 수 있다.

[0991] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 mRNA의 발현을 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소시키는데 사용될 수 있다. 비제한적인 예로서, mRNA 발현의 발현은 50 내지 90% 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, mRNA 발현의 발현은 30 내지 70% 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, mRNA 발현의 발현은 20 내지 70% 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, mRNA 발현의 발현은 15 내지 30% 감소될 수 있다.

[0992] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA가, 비제한적으로 중뇌와 같은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 90% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 30 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비

제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다.

[0993] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가, 비제한적으로 전뇌와 같은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 90% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 30 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 61% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 62% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 63% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 64% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 65% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 66% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 67% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 68% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 69% 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 70% 감소된다.

[0994] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 조가비핵에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 55 내지 60%, 55 내지 70%, 55 내지 80%, 55 내지 90%, 55 내지 95%, 55 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 61% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 62% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 63% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 64% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 65% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 66% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 67% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 68% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 69% 감소된다. 비제한적인 예로서, 조가비핵에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 70% 감소된다.

[0995] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 피질에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 30 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 적어도 30% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서

의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 61% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 62% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 63% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 64% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 65% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 66% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 67% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 68% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 69% 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 70% 감소된다.

[0996] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 운동 피질에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 30 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 적어도 30% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 61% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 62% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 63% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 64% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 65% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 66% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 67% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 68% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 69% 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 70% 감소된다.

[0997] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 체성감각피질에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약

15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 30 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 적어도 30% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 61% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 62% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 63% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 64% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 65% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 66% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 67% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 68% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 69% 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 70% 감소된다.

[0998] 하나의 구현예에서, siRNA 이중가닥 또는 암호화된 dsRNA를 암호화하는 조절성 폴리뉴클레오티드가 측두부피질에서 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시키는데 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15 내지 20%, 15 내지 30%, 15 내지 40%, 15 내지 50%, 15 내지 60%, 15 내지 70%, 15 내지 80%, 15 내지 90%, 15 내지 95%, 20 내지 30%, 20 내지 40%, 20 내지 50%, 20 내지 60%, 20 내지 70%, 20 내지 80%, 20 내지 90%, 20 내지 95%, 20 내지 100%, 30 내지 40%, 30 내지 50%, 30 내지 60%, 30 내지 70%, 30 내지 80%, 30 내지 90%, 30 내지 95%, 30 내지 100%, 40 내지 50%, 40 내지 60%, 40 내지 70%, 40 내지 80%, 40 내지 90%, 40 내지 95%, 40 내지 100%, 50 내지 60%, 50 내지 70%, 50 내지 80%, 50 내지 90%, 50 내지 95%, 50 내지 100%, 60 내지 70%, 60 내지 80%, 60 내지 90%, 60 내지 95%, 60 내지 100%, 70 내지 80%, 70 내지 90%, 70 내지 95%, 70 내지 100%, 80 내지 90%, 80 내지 95%, 80 내지 100%, 90 내지 95%, 90 내지 100% 또는 95 내지 100% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 30 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 20 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 15 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 적어도 30% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서

의 단백질 및 mRNA의 발현이 40 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 70% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50 내지 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 50% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 51% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 52% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 53% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 54% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 55% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 56% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 57% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 58% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 59% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 60% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 61% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 62% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 63% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 64% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 65% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 66% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 67% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 68% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 69% 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두부피질에서의 단백질 및 mRNA의 발현이 70% 감소된다.

[0999] 일부 구현예에서, 본 발명은 치료를 필요로 하는 대상에서 유전자 및/또는 단백질의 발현을 저해함으로써 중추신경계의 질환 및/또는 장애를 치료 또는 개선하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 대상에게 siRNA 이중가닥을 암호화하는 적어도 하나의 조절성 폴리뉴클레오티드 또는 상기 유전자를 표적으로 하는 siRNA 이중가닥을 암호화하는 핵산의 약제학적 유효량을 투여하는 단계, siRNA 이중가닥(또는 암호화된 이중가닥)을 암호화하는 상기 조절성 폴리뉴클레오티드를 표적 세포에 전달하는 단계, 유전자 발현 및 단백질 생산을 저해하는 단계, 및 대상에서 중추신경계의 질환 및/또는 장애 증상을 개선시키는 단계를 포함한다.

[1000] <u>V. 키트 및 장치</u>

[1001] <u>키트</u>

[1002] 본 발명은 본 발명의 방법을 편리하게 및/또는 효율적으로 수행하기 위한 다양한 키트를 제공한다. 전형적으로, 키트는 사용자가 대상의 다중 치료를 수행하도록 및/또는 다수의 실험을 수행하도록 충분한 양 및/또는 구성요소 수를 포함할 것이다.

[1003] 본 발명의 임의의 벡터, 작제물, 조절성 폴리뉴클레오티드, 폴리뉴클레오티드 또는 폴리펩티드가 키트에 포함될 것이다. 일부 구현예에서, 키트는 추가로 본 발명의 화합물 및/또는 조성물을 생성 및/또는 합성하기 위한 시약 및/또는 지침을 포함할 것이다. 일부 구현예에서, 키트는 또한 하나 이상의 완충액을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 본 발명의 키트는 단백질 또는 핵산 어래이(array) 또는 라이브러리의 제조를 위한 구성요소를 포함할 수 있고, 따라서 예컨대 고상 지지체를 포함할 수 있다.

[1004] 일부 구현예에서, 키트 구성요소는 수성 매질 또는 동결건조된 형태로 포장될 수 있다. 키트의 용기 수단은 일반적으로 바이알, 시험관, 플라스크, 병, 주사기 또는 다른 용기 수단을 포함할 것이며, 이 안에 성분이 배치될 수 있고, 바람직하게는 적절히 분취된다. 하나 이상의 키트 구성요소가 존재하는 경우(표지 시약 및 표지는 함께 포장될 수 있음), 키트는 또한 일반적으로 제2, 제3 또는 기타 추가의 용기를 함유하며, 이 안에 추가의 성분이 별도로 배치될 수 있다. 일부 구현예에서, 키트는 또한 멸균되고 약학적으로 허용되는 완충액 및/또는 다른 희석제를 함유하기 위한 제2 용기 수단을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 구성요소의 다양한 조합은 하나 이상의 바이알에 포함될 수 있다. 본 발명의 키트는 또한 전형적으로 본 발명의 화합물 및/또는 조성물, 예컨대 단백질, 핵산을 함유할 수단 및 상업적 판매를 위해 밀폐된 상태의 임의의 다른 시약 용기를 포함할 수 있다. 이러한 용기는 원하는 바이알이 유지되는 주입 또는 취입 성형된 플라스틱 용기를 포함할 수 있다.

[1005] 일부 구현예에서, 키트 구성요소는 하나 및/또는 그 이상의 액상 용액을 제공한다. 일부 구현예에서, 액상 용액은 수용액이고, 멸균된 수용액이 특히 바람직하다. 일부 구현예에서, 키트 구성요소는 건조된 분말로서 제공될 수 있다. 시약 및/또는 구성요소가 건조 분말로 제공되는 경우, 이러한 분말은 적절한 부피의 용매 첨가에 의해 재구성될 수 있다. 일부 구현예에서, 용매는 또한 다른 용기 수단으로 제공될 수 있는 것으로 생각된다. 일부 구현예에서, 표지 염료는 건조된 분말로서 제공된다. 일부 구현예에서, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90,

100, 120, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000 마이크로그램 또는 그 이상 또는 그 이하의 양의 건조된 분말이 본 발명의 키트에서 제공된다. 이러한 구현예에서, 건조물은 이어서 임의의 적절한 용매, 예컨대 DMSO에서 재현탁될 수 있다.

[1006] 일부 구현예에서, 키트는 구성요소의 사용 및 키트에 포함되지 않은 임의의 다른 시약의 사용을 위한 지침을 포함할 수 있다. 지침은 구현될 수 있는 변형을 포함할 수 있다.

[1007] 장치

[1008] 일부 구현예에서, 본 발명의 화합물 및/또는 조성물은 장치에서 조합, 코팅 또는 내장될 수 있다. 장치는, 비제한적으로 치아 임플란트, 스텐트, 뼈 대체물, 인공 관절, 벨브, 심박조율기 및/또는 다른 이식가능한 치료 장치를 포함할 수 있다.

[1009] 본 발명은 하나 이상의 조절성 폴리뉴클레오티드 탑재물 분자를 암호화하는 바이러스 벡터를 포함할 수 있는 장치를 제공한다. 이러한 장치는 치료를 필요로 하는 대상, 예컨대 인간 환자에 즉시 전달될 수 있는 바이러스 벡터를 안정한 제형에 함유한다.

[1010] 투여 장치는 본원에 교시된 단일, 다중- 또는 분리된 투여 요법에 따라 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드를 포함하는 바이러스 벡터를 전달하기 위해 사용될 수 있다.

[1011] 세포, 기관 또는 조직으로의 다중-투여하기 위한 당업계에 공지된 방법 및 장치는 본원에 본 발명의 구현예로서 개시된 방법 및 조성물과 결합하여 사용하기 위한 것으로 고려된다. 이는, 예컨대 다수의 바늘을 갖는 방법 및 장치, 예컨대 루멘 또는 카테터를 사용하는 혼합 장치, 및 열, 전류 또는 방사선 구동 메커니즘을 이용하는 장치를 포함한다.

[1012] 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는 비정상 또는 원치 않는 표적 발현을 특징으로 하는 임의의 질환 또는 장애의 치료, 예방 또는 개선에 사용될 수 있다.

[1013] VI. 정의

[1014] 본 명세서의 여러 곳에서, 본 발명의 화합물의 치환은 군 또는 범위로 개시된다. 이는 특히, 본 개시가 이러한 군 및 범위의 구성원의 각각 또는 개개의 개별적인 하위조합을 포함하는 것으로 의도된다.

[1015] *약*: 본원에 사용된 용어 "약"은 언급된 값의 +/- 10%를 의미한다.

[1016] *병용으로 투여*: 본원에 사용된 용어 "병용으로 투여" 또는 "병용투여"는 2종 이상의 제제가 환자에서 각 제제의 효과가 중첩될 수 있도록 동시에 또는 간격 이내에 대상에 투여되는 것을 의미한다. 일부 구현예에서, 이들은 서로 약 60, 30, 15, 10, 5 또는 1분 이내에 투여된다. 일부 구현예에서, 제제의 투여는 병용(예컨대, 시너지) 효과 달성되도록 함께 충분히 밀집된다.

[1017] *동물*: 본원에 사용된 용어 "동물"은 동물계의 임의의 구성원을 지칭한다. 일부 구현예에서, "동물"은 임의의 발달 단계에서 인간을 지칭한다. 일부 구현예에서, "동물"은 임의의 발달 단계에서 비-인간 동물을 지칭한다. 특정 구현예에서, 비-인간 동물은 포유류이다(예컨대, 설치류, 마우스, 랫트, 토끼, 원숭이, 개, 고양이, 양, 소, 영장류 또는 돼지). 일부 구현예에서, 동물은 비제한적으로 포유류, 조류, 파충류, 양서류, 어류 및 벌레를 포함한다. 일부 구현예에서, 동물은 형질전환 동물, 유전적으로-조작된 동물 또는 복제물이다.

[1018] *대략*: 본원에 사용된 용어 "대략" 또는 "약"은 관심있는 하나 이상의 값에 적용되는 것으로서, 언급된 기준 값과 유사한 값을 지칭한다. 특정 구현예에서, 용어 "대략" 또는 "약"은 달리 언급되지 않는 한, 또는 문맥으로부터 명백하지 않는 한, 언급된 기준 값의 어느 한 방향(초과 또는 미만)으로 25%, 20%, 19%, 18%, 17%, 16%, 15%, 14%, 13%, 12%, 11%, 10%, 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1% 또는 그 미만 이내에 드는 값의 범위를 지칭한다(이러한 숫자가 가능한 값의 100%를 초과하는 경우는 제외).

[1019] *결합된*: 본원에 사용된 용어 "결합된", "접합된", "연결된", "부착된" 및 "구속된(tethered)"은, 2개 이상의 모이어티와 관련하여 사용되는 경우, 모이어티가 서로 직접적으로 또는 연결제로 작용하는 하나 이상의 추가의 모이어티를 통해 물리적으로 결합 또는 연결되어 작제물이 사용되는 조건, 예컨대, 생리학적인 조건하에 모이어티가 물리적으로 결합된 상태를 유지하도록 충분히 안정한 구조를 형성한다는 것을 의미한다. "결합"은 엄격하게 직접 공유 화학적 결합을 통한 것일 필요는 없다. 또한, 이온성 또는 수소 결합, 또는 "결합된" 실재물이 물리적으로 결합된 상태를 유지하도록 충분히 안정한 혼성화에 기초한 연결이 제안될 수 있다.

[1020] *이기능성(bifunctional)*: 본원에 사용된 용어 "이기능성"은 2 이상의 기능을 할 수 있거나 유지하는 임의의 물질, 분자 또는 모이어티를 지칭한다. 기능은 동일한 결과 또는 상이한 결과에 영향을 미칠 수 있다. 기능을 생산하는 구조는 동일하거나 상이할 수 있다.

[1021] *생체적합성(biocompatible)*: 본원에 사용된 용어 "생체적합성"은 살아있는 세포, 조직, 또는 면역계에 의한 상해, 독성 또는 거부 위험이 거의 없거나 전혀 없는 기관 또는 계(system)와 호환 가능함을 의미한다.

[1022] *생분해성*: 본원에 사용된 용어 "생분해성"은 생물의 작용에 의해 무해한 산물로 분해될 수 있음을 의미한다.

[1023] *생리학적으로 활성*: 본원에 사용된 어구 "생리학적으로 활성"은 생물학적 계 및/또는 유기체에서 활성을 갖는 임의의 물질의 특성을 지칭한다. 예컨대, 물질이 유기체에 투여되는 경우 그 유기체에 생물학적 영향을 미치는 경우, 물질은 생물학적으로 활성인 것으로 간주된다. 특정 구현예에서, 본 발명의 조절성 폴리뉴클레오티드는, 폴리뉴클레오티드의 일부라도 생물학적으로 활성이거나 활성을 모방하는 경우에도 생물학적으로 활성인 것으로 간주될 수 있다.

[1024] *유도만능줄기세포*: 본원에 사용된 "유도만능줄기세포"는 유도되어 임의의 몇몇 특징적인 세포 유형을 형성할 수 있는 세포이다.

[1025] *화합물*: 본원에 사용된 용어 "화합물"은 모든 입체이성질체, 기하이성질체, 호변이성질체 및 기술된 구조의 동위원소를 포함하는 것을 의미한다.

[1026] 본원에 기술된 화합물은 비대칭일 수 있다(예컨대, 하나 이상의 입체중심을 가짐). 달리 지시되지 않는 한, 모든 입체이성질체, 예컨대 거울상이성질체 및 부분입체이성질체가 의도된다. 비대칭적으로 치환된 탄소 원자를 함유하는 본 발명의 화합물은 광학 활성 또는 라세미 형태로 단리될 수 있다. 라세미 혼합물의 분해 또는 입체선택적인 합성에 의한 것과 같이, 광학적으로 활성인 출발 물질로부터 광학적으로 활성인 형태를 제조하는 방법이 당업계에 공지되어 있다. 올레핀, C=N 이중 결합 등의 다수의 기하이성질체가 또한 본원에 기술된 화합물에 존재할 수 있고, 모든 이러한 안정한 이성질체가 본 발명에서 고려될 수 있다. 본 발명의 화합물의 시스 및 트랜스 기하이성질체가 이성질체 혼합물 또는 분리된 이성질체 형태로 기술되고 이와 같이 단리될 수 있다.

[1027] 본 발명의 화합물은 또한 호변이성질체 형태를 포함한다. 호변이성질체 형태는 단일 결합과 인접한 이중 결합과의 교환 및 양성자의 수반되는 이동에 기인한다. 호변이성질체 형태는 동일한 실험식 및 총 전하를 갖는 이성체의 양성자부가 상태인 양성자성 호변이성질체를 포함한다.

[1028] 본 발명의 화합물은 또한 중간 또는 최종 화합물에서 발생하는 원자의 모든 동위원소를 포함한다. "동위원소"는 동일한 원자 번호이지만 원자핵에서 상이한 수의 중성자로 인해 상이한 질량수를 갖는 원자를 지칭한다. 예컨대, 수소의 동위원소는 트리튬 및 듀테륨을 포함한다.

[1029] 본 발명의 화합물 및 염은 용매 또는 물 분자와 조합하여 제조되어 통상적인 방법으로 용매화물 또는 수화물을 형성할 수 있다.

[1030] *보존된*: 본원에 사용된 용어 "보존된"은, 비교되는 2개 이상의 서열의 동일한 위치에서 변하지 않은 폴리뉴클레오티드 서열 또는 폴리펩티드 서열 각각의 뉴클레오티드 또는 아미노산 잔기를 지칭한다. 상대적으로 보존된 뉴클레오티드 또는 아미노산은 서열내의 다른 위치에서 나타나는 뉴클레오티드 또는 아미노산보다 많은 관련된 서열 중에서 보존된 것들이다.

[1031] 일부 구현예에서, 2 이상의 서열이 서로 100% 동일한 경우, 이들은 "완전히 보존되었다"고 일컬어진다. 일부 구현예에서, 2 이상의 서열이 서로 70% 이상 동일, 80% 이상 동일, 90% 이상 동일 또는 95% 이상 동일한 경우 이들은 "고도로 보존되었다"고 일컬어진다. 일부 구현예에서, 2 이상의 서열이 서로 약 70% 동일, 약 80% 동일, 약 90% 동일, 약 95%, 약 98%, 또는 약 99% 동일한 경우 이들은 "고도로 보존되었다"고 일컬어진다. 일부 구현예에서, 2 이상의 서열이 서로 30% 이상 동일, 40% 이상 동일, 50% 이상 동일, 약 60% 이상 동일, 약 70% 이상 동일, 약 80% 이상 동일, 약 90% 이상 동일 또는 약 95% 이상 동일한 경우 이들은 "보존되었다"고 일컬어진다. 일부 구현예에서, 2 이상의 서열이 서로 30% 동일, 40% 동일, 50% 동일, 약 60% 동일, 약 70% 동일, 약 80% 동일, 약 90% 동일, 약 95% 동일, 약 98% 동일 또는 약 99% 동일한 경우 이들은 "보존되었다"고 일컬어진다. 서열 보존은 폴리뉴클레오티드 또는 폴리펩티드의 전체 길이에 적용될 수 있거나, 이들의 부분, 영역 또는 특징에 적용될 수 있다.

[1032] *조절된 방출*: 본원에 사용된 용어 "조절된 방출"은 치료적 효과를 나타내기 위해 특정한 패턴의 방출을 형성하

는 약제학적 조성물 또는 화합물의 방출 프로파일을 지칭한다.

[1033] *환(cyclic) 또는 환화된(cyclized)*: 본원에 사용된 용어 "환"은 연속된 고리의 존재를 지칭한다. 환 분자는 환형일 필요는 없고, 단지 서브유닛의 비절단된 쇄를 형성하기 위해 결합된다.

[1034] *세포증식억제성(cytostatic)*: 본원에 사용된 "세포증식억제성"은 세포(예컨대, 포유류 세포(예컨대, 인간 세포), 박테리아, 바이러스, 곰팡이, 원생동물, 기생충, 프리온 또는 이들의 조합)의 성장, 분열 또는 증식을 저해, 감소 또는 억제하는 것을 지칭한다.

[1035] *세포독성*: 본원에 사용된 "세포독성"은 세포(예컨대, 포유류 세포(예컨대, 인간 세포)), 박테리아, 바이러스, 곰팡이, 원생동물, 기생충, 프리온 또는 이들의 조합에 유해하거나 독성 또는 치명적인 영향을 미치거나 야기하는 것을 지칭한다.

[1036] *전달*: 본원에 사용된 "전달"은 화합물, 물질, 실재물, 모이어티, 화물(cargo) 또는 탑재물을 전달하는 행위 또는 방식을 지칭한다.

[1037] *전달제*: 본원에 사용된 "전달제"는 조절성 폴리뉴클레오티드의 표적화된 세포로의 생체내 전달을 최소한 부분적으로 용이하게 하는 임의의 물질을 지칭한다.

[1038] *탈안정화된*: 본원에 사용된 용어 "탈안정적인", "탈안정화," 또는 "탈안정화 영역"은 출발, 야생형 또는 천연 형태의 동일한 영역 또는 분자보다 덜 안정한 영역 또는 분자를 의미한다.

[1039] *검출가능한 표지*: 본원에 사용된 "검출가능한 표지"는 방사선 사진, 형광, 화학발광, 효소 활성, 흡광도 등을 비롯하여 당업계에 공지된 방법으로 용이하게 검출되는, 다른 실재물에 부착, 혼입 또는 결합되어 있는 하나 이상의 마커, 신호 또는 모이어티를 지칭한다. 검출가능한 표지는 방사성 동위원소, 형광단, 발색단, 효소, 염료, 금속 이온, 리간드 예컨대 비오틴, 아비딘, 스트렙타비딘 및 합텐, 양자점 등을 포함할 수 있다. 검출가능한 표지는 본원에 기술된 펩티드 또는 단백질의 임의의 위치에 위치할 수 있다. 이들은 아미노산, 펩티드 또는 단백질 내에 있을 수 있거나 N- 또는 C- 말단에 위치할 수 있다.

[1040] *부분입체이성질체*: 본원에 사용된 용어 "부분입체이성질체"는 서로 거울상이 아니고 서로 겹치지 않는 입체이성질체를 의미한다.

[1041] *소화*: 본원에 사용된 용어 "소화"는 보다 작은 조각 또는 구성요소로 분해하는 것을 의미한다. 폴리펩티드 또는 단백질을 지칭할 때, 소화는 펩티드 생성을 야기한다.

[1042] *원위*: 본원에 사용된 용어 "원위"는 중심으로부터 떨어져 있거나 관심있는 지점 또는 영역으로부터 떨어져있는 것을 의미한다.

[1043] *투약 요법*: 본원에 사용된 "투약 요법"은 치료, 예방 또는 완화 치료의 투여 일정 또는 의사 결정 처방이다.

[1044] *거울상이성질체*: 본원에 사용된 용어 "거울상이성질체"는 80% 이상(즉, 90% 이상의 하나의 거울상이성질체 및 10% 이하의 다른 거울상이성질체), 바람직하게는 90% 이상 및 더욱 바람직하게는 98% 이상의 광학 순도 또는 거울상이성질체 과잉률(당업계의 표준 방법으로 측정됨)을 갖는, 본 발명의 화합물의 각각 개별적인 광학 활성 형태를 의미한다.

[1045] *캡슐화*: 본원에 사용된 용어 "캡슐화"는 에워싸는 것, 둘러싸는 것 또는 감싸는 것을 의미한다.

[1046] *조작된*: 본원에 사용된 바와 같이, 본 발명의 구현예는, 출발점, 야생형 또는 천연 분자로부터 변화하는 구조적 또는 화학적 특징 또는 특성을 갖도록 설계되는 경우 "조작된" 것이다.

[1047] *유효량*: 본원에 사용된 용어 제제의 "유효량"은 효과적인 이점 또는 목적하는 결과, 예컨대, 임상결과를 얻기에 충분한 양을 의미하고, 따라서, "유효량"은 이것이 적용되는 상황에 달려있다. 예컨대, 암 치료제의 투여와 관련하여, 제제의 유효량은, 예컨대 본원에 정의된 바와 같이, 제제의 투여 없이 수득되는 반응과 비교하여 암의 치료를 달성하기에 충분한 양이다.

[1048] *엑소좀(exosome)*: 본원에 사용된 용어 "엑소좀"은 포유류 세포 또는 RNA 분해와 관련된 복합체에 의해 분비되는 소포이다.

[1049] *발현*: 본원에 사용된 핵산 서열의 "발현"은 다음 사건 중 하나 이상을 지칭한다: (1) DNA 서열로부터 RNA 주형 생산(예컨대, 전사에 의해); (2) RNA 전사 처리(예컨대, 스플라이싱, 편집, 5' 캡 형성, 및/또는 3' 말단 처리

에 의해); (3) RNA의 폴리펩티드 또는 단백질로의 번역; 및 (4) 폴리펩티드 또는 단백질의 번역 후 변형.

[1050] *특징*: 본원에 사용된 "특징"은 성질, 특성 또는 특징적인 요소를 지칭한다.

[1051] *제형*: 본원에 사용된 "제형"은 하나 이상의 조절성 폴리뉴클레오티드 및 전달제를 포함한다.

[1052] *단편*: 본원에서 사용된 "단편"은 부분을 지칭한다 예컨대, 단백질 단편은 배양된 세포로부터 단리된 전장 단백질의 소화에 의해 수득된 폴리펩티드일 수 있다.

[1053] *기능적인*: 본원에서 사용된 "기능적인" 생물학적 분자는 이것이 특징화된 특성 및/또는 활성을 나타내는 형태이다.

[1054] *상동성*: 본원에서 사용된 용어 "상동성"은 중합체 분자 사이, 예컨대 핵산 분자 사이(예컨대, DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 및/또는 폴리펩티드 분자 사이의 전반적인 관련성을 지칭한다. 일부 구현예에서, 중합체 분자는 이의 서열이 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 99% 이상 동일 또는 유사한 경우 서로 "상동성"이라고 간주된다. 용어 "상동성"은 필수적으로 2 이상의 서열(폴리뉴클레오티드 또는 폴리펩티드 서열) 사이의 비교를 의미한다. 본 발명에 따르면, 2개의 폴리뉴클레오티드 서열은 이들이 암호화하고있는 폴리펩티드가 약 20개 이상의 아미노산의 하나 이상의 스트레치에 대하여 적어도 약 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 99%인 경우 상동성인 것으로 간주된다. 일부 구현예에서, 상동적인 폴리뉴클레오티드는 4 내지 5개 이상의 특이적으로 특정된 아미노산의 스트레치를 암호화하는 능력을 특징으로 한다. 길이가 60 뉴클레오티드 미만인 폴리뉴클레오티드 서열에 대하여, 상동성은 약 4 내지 5개 이상의 특이적으로 특정된 아미노산을 암호화하는 능력에 의해 결정된다. 본 발명에 따르면, 2개의 단백질 서열은 단백질이 약 20개 이상의 아미노산의 하나 이상의 스트레치에 대하여 약 50%, 60%, 70%, 80% 또는 90% 이상 동일한 경우 상동성이라고 간주된다.

[1055] *동일성(identity)*: 본원에 사용된 용어 "동일성"은 중합체 분자 사이, 예컨대, 폴리뉴클레오티드 분자(예컨대, DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 사이 및/또는 폴리펩티드 분자 사이의 전반적인 관련성을 지칭한다. 2개의 폴리뉴클레오티드 서열의 퍼센트 동일성의 계산은, 예컨대 최적의 비교 목적을 위해 2개의 서열을 정렬함으로써 수행될 수 있다(예컨대, 갭(gap)은 최적의 정렬을 위해 제1 및 제2핵산 서열 중 하나 또는 둘 다에 도입될 수 있고, 동일하지 않은 서열은 비교 목적을 위해 무시될 수 있다). 특정 구현예에서, 비교 목적을 위한 정렬되는 서열의 길이는 기준 서열 길이의 30% 이상, 40% 이상, 50% 이상, 60% 이상, 70% 이상, 80% 이상, 90% 이상, 95% 이상 또는 100%이다. 이어서, 대응하는 핵산 위치에서 뉴클레오티드가 비교된다. 제1서열에서 위치가 제2서열에서의 대응하는 위치와 동일한 뉴클레오티드에 의해 점유되는 경우, 분자들은 이 위치에서 동일하다. 두 서열 사이의 퍼센트 동일성은 두 서열의 최적 정렬을 위해 도입되어야 할 갭의 수 및 각 갭의 길이를 고려하여, 서열에 의해 공유되는 동일한 위치의 수의 함수이다. 서열 비교 및 두 서열 사이의 퍼센트 동일성 결정은 수학적 알고리즘을 사용하여 달성될 수 있다. 예컨대, 2개의 뉴클레오티드 서열 사이의 퍼센트 동일성은 문헌[Computational Molecular Biology, Lesk, A. M., ed., Oxford University Press, New York, 1988]; 문헌[Biocomputing: Informatics and Genome Projects, Smith, D. W., ed., Academic Press, New York, 1993]; 문헌[Sequence Analysis in Molecular Biology, von Heinje, G., Academic Press, 1987]; 문헌[Computer Analysis of Sequence Data, Part I, Griffin, A. M., and Griffin, H. G., eds., Humana Press, New Jersey, 1994]; 및 문헌[Sequence Analysis Primer, Gribskov, M. and Devereux, J., eds., M Stockton Press, New York, 1991](각 내용의 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 기재된 바와 같은 방법을 사용하여 결정될 수 있다. 예컨대, 2개의 뉴클레오티드 서열 사이의 퍼센트 동일성은 예컨대, PAM120 가중 잔기 테이블(weight residue table), 12의 갭 길이 페널티(gap length penalty), 4의 갭 페널티를 사용하는 ALIGN 프로그램(버전 2.0)에 통합된는 메이어스 및 밀러 알고리즘(CABIOS, 1989, 4:11-17)을 사용하여 결정될 수 있다. 두 서열 사이의 퍼센트 동일성은, 다르게는, NWSgapdna.CMP 매트릭스를 사용하는 GCG 소프트웨어 패키지에서 GAP 프로그램을 사용하여 결정될 수 있다. 서열 사이의 퍼센트 동일성을 결정하기 위해 통상적으로 사용되는 방법은, 비제한적으로 Carillo, H., 및 Lipman, D., SIAM J Applied Math., 48:1073 (1988)(참조로써 본원에 포함됨)에 개시되어 있다. 동일성 결정 기법은 공개적으로 이용 가능한 컴퓨터 프로그램에 체계화되어 있다. 두 서열 사이의 상동성을 결정하기 위한 예시적인 컴퓨터 소프트웨어는, 비제한적으로 GCG 프로그램 패키지를 포함한다(Devereux, J 등, *Nucleic Acids Research*, 12(1), 387 (1984)), BLASTP, BLASTN, 및 FASTA Altschul, S. F. 등, *J. Molec. Biol.*, 215, 403 (1990))을 포함한다.

[1056] *유전자 발현 억제*: 본원에 사용된 어구 "유전자 발현 억제"는 유전자 발현 산물의 양의 감소를 야기하는 것을 의미한다. 발현 산물은 유전자(예컨대 mRNA)로부터 전사된 RNA 또는 유전자로부터 전사된 mRNA로부터 번역된 폴

리펩티드일 수 있다. 전형적으로, mRNA의 수준 감소는 이로부터 번역된 폴리펩티드의 수준 감소를 야기한다. 발현 수준은 mRNA 또는 단백질을 측정하기 위한 표준 기법을 사용하여 결정될 수 있다.

[1057] *이성질체*: 본원에 사용된 용어 "이성질체"는 본 발명의 임의의 화합물의 임의의 호변이성질체, 입체이성질체, 거울상이성질체 또는 부분입체이성질체를 의미한다. 본 발명의 화합물이 하나 이상의 키랄 중심 및/또는 이중 가닥을 가질 수 있으므로 입체이성질체, 예컨대 이중 가닥 이성질체(즉, 기하 E/Z 이성질체) 또는 부분입체이성질체(예컨대, 거울상이성질체(즉, (+) 또는 (-)) 시스/트랜스 이성질체)로서 존재할 수 있음이 인지된다. 본 발명에 따르면, 본원에 기술된 화학적 구조 및 이에 따른 본 발명의 화합물은 모든 상응하는 입체이성질체를 포함하며, 즉, 입체이성질체적으로 순수한 형태(예컨대, 기하학적으로 순수, 거울상이성질체적으로 순수 또는 부분입체이성질체적으로 순수)및 거울상이성질체 및 입체이성질체 혼합물, 즉 라세미체 둘 모두를 포함한다. 본 발명의 거울상이성질체 및 입체이성질체 혼합물은 전형적으로 널리 공지된 방법, 예컨대 키랄-상 가스 크로마토그래피, 키랄-상 고성능 액체 크로마토그래피, 화합물을 키랄 염 복합체로 결정화, 또는 화합물을 키랄 염 중에서 결정화하는 것에 의해 이들의 구성요소 거울상이성질체 또는 입체이성질체로 분해될 수 있다. 거울상이성질체 및 입체이성질체는 또한 입체이성질체적으로 또는 거울상이성질체적으로 순수한 중간체, 시약 및 널리 공지된 비대칭 합성 방법에 의한 촉매로부터 수득될 수 있다.

[1058] *시험관내*: 본원에 사용된 용어 "시험관내"는 사건이 유기체(예컨대, 동물, 식물 또는 미생물)내에서가 아니라, 인공 환경, 예컨대, 시험관 또는 반응 용기, 세포 배양, 페트리 디쉬, 등에서 발생하는 것을 지칭한다.

[1059] *생체내*: 본원에 사용된 용어 "생체내"는 사건이 유기체(예컨대, 동물, 식물 또는 미생물 또는 세포 또는 이의 조직)에서 발생하는 것을 지칭한다.

[1060] *단리된*: 본원에 사용된 용어 "단리된"은 결합되어 있는 적어도 일부의 구성요소로부터 분리된 물질 또는 실재물을 지칭한다(자연상태 또는 실험 환경과 무관). 단리된 물질은 이들이 결합된 것으로부터의 물질과 관련하여 다양한 수준의 순도를 가질 수 있다. 단리된 물질 및/또는 실재물은 이들이 초기에 결합된 다른 구성요소로부터 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30% 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 90% 이상으로 분리될 수 있다. 일부 구현예에서, 단리된 제제는 약 80%, 약 85%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 초과 또는 약 99% 초과로 순수하다. 본원에서 사용된 바와 같이, 다른 구성요소가 실질적으로 없는 경우 물질은 "순수"하다.

[1061] *실질적으로 단리된*: "실질적으로 단리된"은 화합물이 형성되거나 검출되는 환경으로부터 실질적으로 분리된 것을 의미한다. 부분적인 분리는 예컨대 본 발명의 화합물에서 풍부한 조성물을 포함할 수 있다. 실질적인 분리는 약 50 중량% 이상, 약 60 중량% 이상, 약 70 중량% 이상, 약 80 중량% 이상, 약 90 중량% 이상, 약 95 중량% 이상, 약 97 중량 %이상, 약 99 중량% 이상의 본 발명의 화합물 또는 이의 염을 함유하는 조성물을 포함할 수 있다. 화합물 및 이의 염의 단리 방법은 당업계에서 통상적이다.

[1062] *연결제*: 본원에 사용된 연결제는 원자 군, 예컨대 10 내지 1,000 원자를 지칭하고, 원자 또는 군, 예컨대 비제한적으로 탄소, 아미노, 알킬아미노, 산소, 황, 설폭사이드, 설포닐, 카보닐 및 이민으로 구성될 수 있다. 연결제는 핵산염기 또는 당 모이어티상의 변형된 뉴클레오시드 또는 뉴클레오티드의 제1말단에 부착될 수 있고, 예컨대, 제2말단에서 검출제 또는 치료제와 같은 탑재물에 부착될 수 있다. 연결제는 핵산 서열에 혼입되는 것을 방해하지 않을 정도로 충분한 길이일 수 있다. 연결제는 본원에 기재된 바와 같이 조절성 폴리뉴클레오티드 다량체(예컨대, 2 이상의 조절성 폴리뉴클레오티드 분자의 연결을 통해) 또는 조절성 폴리뉴클레오티드 접합체를 형성하여 탑재물을 투여하는 것과 같은 임의의 유용한 목적을 위해 사용될 수 있다. 연결제에 혼입될 수 있는 화학 기의 예는, 비제한적으로 알킬, 알케닐, 알키닐, 아미도, 아미노, 에터, 티오에터, 에스터, 알킬렌, 헤테로알킬렌, 아릴 또는 헤테로사이클릴을 포함하며, 이들 각각은 본원에 기재된 바와 같이 선택적으로 치환될 수 있다. 연결제의 예는, 비제한적으로 불포화된 알칸, 폴리에틸렌 글리콜(예컨대, 에틸렌 또는 프로필렌 글리콜 단량체 단위, 예컨대, 다이에틸렌 글리콜, 다이프로필렌 글리콜, 트라이에틸렌 글리콜, 트라이프로필렌 글리콜, 테트라에틸렌 글리콜, 또는 테트라에틸렌 글리콜), 및 덱스트란 중합체 및 이들의 유도체를 포함한다. 다른 예는 비제한적으로 연결제내의 절단될 수 있는 모이어티, 예컨대, 이황화 결합(-S-S-) 또는 아조 결합(-N=N-)을 포함하며, 이들은 환원제 또는 광분해를 사용하여 절단될 수 있다. 선택적인 절단 결합의 비제한적인 예는, 예컨대 트리스(2-카복시에틸)포스핀(TCEP) 또는 다른 환원제의 사용, 및/또는 광분해에 의해 절단될 수 있는 아미도 결합, 및 예컨대 산성 또는 염기성 가수분해에 의해 절단될 수 있는 에스터 결합을 포함한다.

[1063] *마이크로RNA(miRNA) 결합 부위*: 본원에 사용된 마이크로RNA(miRNA) 결합 부위는 miRNA의 적어도 "시드" 영역이 결합하는 핵산 전사물의 뉴클레오티드 위치 또는 영역을 나타낸다.

[1064] *변형된*: 본원에 사용된 "변형된"은 본 발명의 분자의 상태 또는 구조가 변화된 것을 지칭한다. 분자는 화학적, 구조적 및 기능적을 포함하여 다양한 방법으로 변형될 수 있다.

[1065] *자연적으로 발생*: 본원에서 사용된 "자연적으로 발생"은 인공 보조 없이 자연에 존재하는 것을 의미한다.

[1066] *중화 항체*: 본원에 사용된 "중화 항체"는 이의 항원에 결합하여 이것이 가지고 있는 임의의 생물학적 활성을 중화 또는 없앰으로써 항원 또는 감염 제제로부터 세포를 방어하는 항체를 지칭한다.

[1067] *비인간 척추동물*: 본원에 사용된 "비인간 척추동물"은 *호모 사피엔스*를 제외하고, 야생종 또는 가축을 비롯하여 모든 척추동물을 포함한다. 비-인간 척추동물의 예는, 비제한적으로 포유류, 예컨대 알파카, 반텡, 비순, 낙타, 고양이, 소, 사슴, 개, 당나귀, 가얄, 염소, 기니아 피그, 말, 라마, 뮬, 돼지, 토끼, 순록, 양, 물소 및 야크를 포함한다.

[1068] *비표적(off-target)*: 본원에 사용된 "비표적"은 임의의 하나 이상의 표적, 유전자 및/또는 세포 전사물에 대한 임의의 의도하지 않은 효과를 지칭한다.

[1069] *개방형 해독 틀*: 본원에서 사용된 "개방형 해독 틀" 또는 "ORF"는 주어진 해독 틀에 종결 코돈을 함유하지 않은 서열을 지칭한다.

[1070] *작동적으로 연결된*: 본원에서 사용된 어구 "작동적으로 연결된"은 2 이상의 분자, 작제물, 전사물, 실재물, 모이어티 등 사이의 기능적인 연결을 지칭한다.

[1071] *선택적으로 치환된*: 본원에서 어구 형태 "선택적으로 치환된 X"(예컨대, 선택적으로 치환된 알킬)은 "X, 이때, X는 선택적으로 치환됨"(예컨대, "알킬, 이때, 알킬은 선택적으로 치환됨")과 동등한 것으로 의도된다. 이는 특징 "X"(예컨대, 알킬)가 그 자체로 선택적임을 의미하는 것으로 의도된 것은 아니다.

[1072] *펩티드*: 본원에 사용된 "펩티드"는 길이가 50 아미노산 이하, 예컨대 길이가 약 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 또는 50 아미노산이다.

[1073] *환자*: 본원에서, "환자"는 치료를 찾고 있거나 필요로 하는 대상일 수 있고, 치료를 요구하거나, 치료를 받고 있거나, 치료를 받을 대상이거나, 특정 질환 또는 상태에 대해 훈련된 전문적으로 전문가에 의해 치료를 받는 대상을 지칭한다.

[1074] *약학적으로 허용되는*: 어구 "약제학적으로 허용되는"은 건전한 의학적 판단의 범위 내에서, 과도한 독성, 자극, 알러지 반응 또는 다른 문제 또는 합병증 없고 합리적인 이득/위험 비율에 상응하는, 인간 또는 동물의 조직과 접촉하여 사용하기에 적합한 화합물, 물질, 조성물 및/또는 투여 형태를 의미하기 위해 본원에서 사용된다.

[1075] *약제학적으로 허용되는 부형제*: 본원에 사용된 어구 "약제학적으로 허용되는 부형제"는 본원에 기술된 화합물을 제외한 임의의 성분(예컨대, 활성 화합물을 현탁 또는 용해시킬 수 있는 비히클)을 지칭하며, 대상에서 실질적으로 비독성이고 비염증성인 특성을 갖는다. 부형제는, 예컨대 항부착제, 항산화제, 결합제, 코팅제, 압축 보조제, 붕해제, 염료(색소), 연화제, 유화제, 충전제(희석제), 필름 형성제 또는 코팅제, 풍미제, 향료, 유동제(유동 개선제), 윤활제, 보존제, 인쇄 잉크, 흡착제, 현탁제 또는 분산제, 감미제, 및 수화된 물을 포함할 수 있다. 예시적인 부형제는 비제한적으로, 부틸화 히드록시톨루엔(BHT), 칼슘 카보네이트, 칼슘 포스페이트(2염기성), 칼슘 스테아레이트, 크로스카멜로스, 가교결합된 폴리비닐 피롤리돈, 시트르산, 크로스포비돈, 시스테인, 에틸셀룰로스, 젤라틴, 히드록시프로필 셀룰로스, 히드록시프로필 메틸셀룰로스, 락토스, 마그네슘 스테아레이트, 말티톨, 만니톨, 메티오닌, 메틸셀룰로스, 메틸 파라벤, 미정질 셀룰로스, 폴리에틸렌 글리콜, 폴리비닐 피롤리돈, 포비돈, 전호화분 녹말, 프로필 파라벤, 레티닐 팔미테이트, 셀락, 실리콘 다이옥시드, 소듐 카복시메틸 셀룰로스, 소듐 시트레이트, 소듐 녹말 글리콜레이트, 솔비톨, 녹말(옥수수), 스테아르산, 수크로스, 탈크, 티타늄 다이옥시드, 비타민 A, 비타민 E, 비타민 C 및 자일리톨을 포함한다.

[1076] *약제학적으로 허용되는 염*: 본 발명은 또한 본원에 기술된 화합물의 약제학적으로 허용되는 염을 포함한다. 본원에 사용된 "약제학적으로 허용되는 염"은 모(parent) 화합물이 존재하는 산성 또는 염기성 모이어티를 전환시킴으로써(예컨대, 유리 염기 기를 적절한 유기 산과 반응시킴으로써) 이의 염 형태로 변형된, 개시된 화합물의 유도체를 지칭한다. 약제학적으로 허용되는 염의 예는, 비제한적으로, 아민과 같은 염기 잔기의 무기 또는 유기 산 염; 카복실산과 같은 산성 잔기의 알칼리 또는 유기 염 등을 포함한다. 대표적인 산 부가 염은 아세테이트, 아세트산, 아디페이트, 알지네이트, 아스코르베이트 아스파테이트, 벤젠설포네이트, 벤젠 설폰산, 벤조에이트, 비스설페이트, 보레이트, 부티레이트, 캄포레이트, 캄포설포네이트, 시트레이트, 사이클로펜탄에프로피오네이트, 다이글루코네이트, 도데실설페이트, 에탄설포네이트, 푸마레이트, 글루코헵토네

이트, 글리세로포스페이트, 헤미설페이트, 헵토네이트, 헥사노에이트, 하이드로브로마이드, 하이드로클로라이드, 하이드로요다이드, 2-하이드록시-에탄설포네이트, 락토비오네이트, 락테이트, 라우레이트, 라우릴 설페이트, 말레이트, 말리에이트, 말로네이트, 메탄설포네이트, 2-나프탈렌설포네이트, 니코티네이트, 니트레이트, 올리에이트, 옥살레이트, 팔미테이트, 파모에이트, 펙티네이트, 퍼설페이트, 3-페닐프로피오네이트, 포스페이트, 피크레이트, 피발레이트, 프로피오네이트, 스테아레이트, 숙시네이트, 설페이트, 타트레이트, 티오시아네이트, 톨루엔설포네이트, 운데카노에이트, 발레르에이트 염 등을 포함한다. 대표적인 알칼리 또는 알칼리 토금속 염은, 소듐, 리튬, 포타슘, 칼슘, 마그네슘 등 및 비독성 암모늄, 4차 암모늄 및 아민 양이온, 비제한적으로 암모늄, 테트라메틸암모늄, 테트라에틸암모늄, 메틸아민, 다이메틸아민, 트라이메틸아민, 트라이에틸아민, 에틸 아민 등을 포함하여 아민 양이온을 포함한다. 본 발명의 약제학적으로 허용되는 염은, 예컨대 비독성 무기 또는 유기산으로부터 형성된 모 화합물의 통상적인 비독성 염을 포함한다. 본 발명의 약제학적으로 허용되는 염은, 통상적인 화학적 방법에 의해 염기 또는 산성 모이어티를 함유하는 모 화합물로부터 합성될 수 있다. 일반적으로, 이러한 염은 이러한 화합물의 유리 산 또는 염기 형태를 물 또는 유기 용매 중 또는 이 둘의 혼합물중의 화학량론적 양의 적절한 염기 또는 산과 반응시킴으로써 제조될 수 있고; 일반적으로 비수성 매질, 예컨대 에터, 에틸 아세테이트, 에탄올, 이소프로판올 또는 아세토니트릴이 바람직하다. 적절한 염의 목록이 *Remington's Pharmaceutical Sciences*, 17th ed., Mack Publishing Company, Easton, Pa., 1985, p. 1418, *Pharmaceutical Salts: Properties, Selection, and Use*, P.H. Stahl and C.G. Wermuth (eds.), Wiley-VCH, 2008, and Berge 등, *Journal of Pharmaceutical Science*, 66, 1-19 (1977)(이의 내용 전체가 참조로써 본원에 포함됨).

[1077] *약제학적으로 허용되는 용매화물*: 본원에 사용된 용어 "약제학적으로 허용되는 용매화물"은 적절한 용매의 분자가 결정형 격자에 혼입되어 있는 본 발명의 화합물을 의미한다. 적절한 용매는 투여된 투여량에서 생리학적으로 허용된다. 예컨대, 용매화물은, 유기 용매, 물 또는 이들의 혼합물을 포함하는 용액으로부터 결정화, 재결정화 또는 침전에 의해 제조될 수 있다. 적절한 용매의 예는 에탄올, 물(예컨대, 일-, 이- 및 삼-수화물), *N*-메틸피롤리돈(NMP), 다이메틸 설폭사이드(DMSO), *N,N'*-다이메틸포름아마이드(DMF), *N,N'*-다이메틸아세트아마이드(DMAC), 1,3-다이메틸-2-이미다졸리디논(DMEU), 1,3-다이메틸-3,4,5,6-테트라하이드로-2-(1H)-피리미디논(DMPU), 아세토니트릴(ACN), 프로필렌 글리콜, 에틸 아세테이트, 벤질 알콜, 2-피롤리돈, 벤질 벤조에이트 등이다. 용매화물이 물인 경우, 용매화물은 "수화물"로 지칭된다.

[1078] *약물동력학*: 본원에 사용된 "약물동력학"은 살아있는 유기체로 투여된 물질의 운명을 결정하는 것과 관련된 분자 또는 화합물의 임의의 하나 이상의 특성을 의미한다. 약물동력학은, 흡수, 분포, 대사 및 배설의 정도 및 속도를 포함하여 몇몇 영역으로 나누어진다. 이는 통상적으로 ADME로 지칭되며, 이때, (A) 흡수(Absorption)는 물질이 혈액 순환으로 들어가는 과정이고; (D) 분포(Distribution)는 물질이 체액 및 체조직을 통해 확산 또는 분산되는 것이고; (M) 대사(Metabolism)(또는 생물변형)는 비가역적으로 모 화합물이 딸 대사물로 변하는 것이고; (E) 배설(Excretion)(또는 제거(Elimination))은 물질이 신체로부터 제거되는 것을 지칭한다. 드문 경우에서, 일부 약물은 신체 조직에 비가역적으로 축적된다.

[1079] *물리화학적*: 본원에 사용된 "물리화학적"은 물리적 및/또는 화학적 특성을 의미하거나 이에 관한 것이다.

[1080] *예방*: 본원에 사용된 용어 "예방"은 감염, 질환, 장애 및/또는 상태의 발병의 부분적인 또는 완전한 지연; 특정 감염, 질환, 장애 및/또는 상태의 하나 이상의 증상, 특징 또는 임상학적 특성의 발병의 부분적인 또는 완전한 지연; 특정 감염, 질환, 장애 및/또는 상태의 하나 이상의 증상, 특징, 또는 특성의 발병의 부분적인 또는 완전한 지연; 감염, 특정 질환, 장애 및/또는 상태로부터 진행의 부분적인 또는 완전한 지연; 및/또는 감염, 질환, 장애, 및 또는 상태와 관련된 병리 발달 위험의 감소를 지칭한다.

[1081] *전구물질*: 본 발명은 또한 본원에 기재된 화합물의 전구물질을 포함한다. 본원에 사용된 전구약물은 화학적 또는 물리적 변경에 따라 치료제로 작용하는 물질, 분자 또는 실재물에 대한 술어 형태인 임의의 물질, 분자 또는 실재물을 지칭한다. 전구약물은 몇몇 방식으로 공유결합 또는 분리되고, 포유류 대상으로 투여되기 전, 투여되자마자 또는 투여된 후 방출되거나 활성 약물 모이어티로 변형된다. 전구약물은 통상적인 조작 또는 생체내에서 모 화합물에서 변형이 절단되는 방식으로 화합물에 존재하는 작용기를 변형시킴으로써 제조될 수 있다. 전구약물은, 히드록시, 아미노, 설프히드릴 또는 카복실 기가 임의의 기에 결합되어 있는 화합물을 포함하고, 포유류 대상에 투여되는 경우 절단되어 각각 유리 히드록시, 아미노, 설프히드릴 또는 카복실 기를 형성한다. 전구약물의 제조 및 사용이 T. Higuchi 및 V. Stella, "Pro-drugs as Novel Delivery Systems," Vol. 14 of the A.C.S. Symposium Series, 및 *Bioreversible Carriers in Drug Design* ed. Edward B. Roche, American

Pharmaceutical Association and Pergamon Press, 1987 (이 둘 모두의 전체가 참조로써 본원에 포함됨)에 논의되어 있다. 일부 구현예에서, 본 발명의 pri-miR은 pre-miR의 전구약물일 수 있다. 마찬가지로, pri- 또는 pre-miR은 이들로부터 처리된 인공 miR의 전구약물일 수 있다.

[1082] *증식하다*: 본원에 사용된 용어 "증식하다"는 성장, 확장 또는 증가하는 것 또는 신속한 성장, 확장 또는 증가를 야기하는 것을 의미한다. "증식성"은 증식할 수 있는 능력을 갖는 것을 의미한다. "항-증식성"은 증식의 성질에 반하거나 적절하지 않은 특성을 갖는 것을 의미한다.

[1083] *예방적*: 본원에 사용된 "예방적"은 질병의 확산을 막기 위해 사용된 치료 또는 작용 과정을 지칭한다.

[1084] *예방*: 본원에 사용된 "예방"은 건강을 유지하고 질병의 확산을 막기위해 취해진 방법을 지칭한다.

[1085] *단백질 절단 부위*: 본원에 사용된 "단백질 절단 부위"는 아미노산 쇄의 조절된 절단이 화학, 효소 또는 광화학적 방법에 의해 달성될 수 있는 부위를 지칭한다.

[1086] *단백질 절단 신호*: 본원에 사용된 "단백질 절단 신호"는 절단을 위한 폴리펩티드를 표식하거나 표시하는 하나 이상의 아미노산을 지칭한다.

[1087] *관심있는 단백질*: 본원에 사용된 용어 "관심있는 단백질" 또는 "목적하는 단백질"은 본원에 제공된 것 및 이들의 단편, 돌연변이, 변이체 및 변경된 것을 포함한다.

[1088] *근부*: 본원에 사용된 용어 "근부"는 중심 또는 관심있는 지점 또는 영역에 근접하게 위치한 것을 의미한다.

[1089] *정제된*: 본원에서 "정제하다", "정제된", "정제"는 원치 않는 구성요소, 물질 오염, 혼합물 또는 결함(imperfection)으로부터 실질적으로 순수하거나 깨끗하게 만드는 것을 의미한다.

[1090] *샘플*: 본원에 사용된 용어 "샘플" 또는 "생물학적 샘플"은 이의 조직, 세포 또는 구성요소 부분의 서브세트를 지칭한다(예컨대, 비제한적으로 혈액, 점액, 림프액, 활액, 뇌척수액, 타액, 양수, 제대혈, 소변, 질액 및 정액을 포함하는 체액). 추가로, 샘플은 비제한적으로 예컨대 혈장, 혈청, 척수액, 림프액, 피부 외조직, 호흡기, 내장 및 비뇨생식관, 타액, 우유, 혈액 세포, 종양, 기관을 비롯하여, 전체의(whole) 유기체 또는 이의 조직. 세포 또는 구성요소 부분의 서브세트, 또는 이의 분획 또는 부분으로부터 제조된 분쇄액(homogenate), 용균물 또는 추출물을 포함한다. 추가로, 샘플은 배지, 예컨대 세포 구성요소, 예컨대 단백질 또는 핵산 분자를 함유할 수 있는 영양 수프(broth) 또는 겔을 지칭한다.

[1091] *신호 서열*: 본원에 사용된 어구 "신호 서열"은 단백질의 수송 또는 배치(localization)를 지시할 수 있는 서열을 지칭한다.

[1092] *단일 단위 투여량*: 본원에 사용된 "단일 단위 투여량"은 1회 투여량/1회/단일 경로/단일 접촉점으로, 즉, 단일 투여건으로 투여된 임의의 치료제의 투여량이다.

[1093] *유사성*: 본원에 사용된 용어 "유사성"은 중합체 분자 사이, 예컨대 폴리뉴클레오티드 분자 사이(예컨대, DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 및/또는 폴리펩티드 분자 사이의 전반적인 관련성을 지칭한다. 중합체 분자 서로에 대한 퍼센트 유사성의 계산은 퍼센트 유사성의 계산이 당업계에서 이해되는 바와 같이 보존적 치환을 고려한 것을 제외하고 퍼센트 동일성의 계산과 동일한 방식으로 수행될 수 있다.

[1094] *분할 투여량*:본원에 사용된 "분할 투여량"은 단일 단위 투여량 또는 총 투여량을 2회 이상의 투여량으로 나누는 것이다.

[1095] *안정한*: 본원에 사용된 "안정한"은 반응 혼합물로부터 유용한 정도의 순도로 단리하여 생존하기에 충분히 견고하고, 바람직하게는 효과적인 치료제로 제형화될 수 있는 화합물을 지칭한다.

[1096] *안정화된*: 본원에 사용된 용어 "안정화하다", "안정화된", "안정화된 영역"은 안정하게 하거나 안정하게 되는 것을 의미한다.

[1097] *입체이성질체*: 본원에 사용된 용어 "입체이성질체"는 화합물이 가질 수 있는 가능한 모든 상이한 이성질체 및 배좌 형태(예컨대, 본원에 기재된 임의의 화학식의 화합물), 특히 모든 가능한 입체화학적 및 배좌 이성질체 형태, 모든 부분입체이성질체, 거울상이성질체 및/또는 기본 분자 구조의 배좌이성질체를 지칭한다. 본 발명의 일부 화합물은 상이한 호변이성질체 형태로 존재할 수 있으며, 후자 모두는 본 발명의 범위 내에 포함된다.

[1098] *대상*: 본원에 사용된 용어 "대상" 또는 "환자"는, 예컨대, 실험적, 진단적, 예방적 및/또는 치료적 목적으로 본 발명에 다른 조성물이 투여될 수 있는 임의의 유기체를 지칭한다. 전형적인 대상은 동물(예컨대, 포유류 예컨대

마우스, 랫트, 토끼, 비-인간 영장류 및 인간) 및/또는 식물을 포함한다.

[1099] *실질적으로*: 본원에 사용된 용어 "실질적으로"는 관심있는 성질 또는 특성의 전체 또는 거의 전체 범위 또는 정도를 나타내는 질적인 상태를 지칭한다. 생물학적 분야의 당업자는 생물학적 및 화학적 현상이 거의 완성되지 않을 경우 및/또는 완성도를 달성하거나 절대적 결과를 달성하거나 회피하지 않는다는 것을 이해할 것이다. 용어 "실질적으로"는 따라서 다수의 생물학적 및 화학적 현상에 내재된 완전성의 잠재적인 부족을 포착하기 위해 본원에서 사용된다.

[1100] *실질적으로 동일*: 본원에 사용된 바와 같이 이는 투여량 간의 시간 차이에 관한 것으로, 본 용어는 플러스/마이너스 2%를 의미한다.

[1101] *실질적으로 동시에*: 본원에 사용된 바 및 복수의 투여량과 관련하여, 본 용어는 약 2초 이내를 의미한다.

[1102] *앓고 있는*: 질환, 장애 및/또는 상태를 "앓고 있는" 개체는 질환, 장애 및/또는 상태의 하나 이상의 증상으로 진단되거나 증상을 나타낸다.

[1103] *취약한*: 질환, 장애 및/또는 상태에 취약한 개체는 질환, 장애 및/또는 상태의 증상으로 진단되지 않았고/않았거나 증상을 보이지 않을 수 있지만, 질환 또는 이의 증상을 일으킬 경향이 있다. 일부 구현예에서, 질환, 장애 및/또는 상태(예컨대, 암)에 취약한 개체는 다음 중 하나 이상에 의해 특징지어질 수 있다: (1) 질환, 장애 및/또는 상태의 발달과 관련된 유전적 돌연변이; (2) 질환, 장애 및/또는 상태의 발달과 관련된 유전적 다형성; (3) 질환, 장애 및/또는 상태와 관련된 단백질 및/또는 핵산의 발현 및/또는 활성의 증가 및/또는 감소; (4) 질환, 장애 및/또는 상태의 발달과 관련된 습관 및/또는 생활양식; (5) 질환, 장애 및/또는 상태의 가족력; 및 (6) 질환, 장애 및/또는 상태의 발달과 관련된 미생물에 노출 및/또는 이로 감염됨. 일부 구현예에서, 질환, 장애 및/또는 상태에 취약한 개체는 질환, 장애 및/또는 상태를 발달시킬 것이다. 일부 구현예에서, 질환, 장애 및/또는 상태에 취약한 개체는 질환, 장애 및/또는 상태를 발달시키지 않을 것이다.

[1104] *지연된 방출*: 본원에 사용된 용어 "지연된 방출"은 특정 기간에 걸쳐 방출 속도를 형성하는 약제학적 조성물 또는 화합물의 방출 프로파일을 지칭한다.

[1105] *합성*: 용어 "합성의"는 인간의 손에 의해 생산, 준비 및/또는 제조되는 것을 의미한다. 폴리뉴클레오티드 또는 폴리펩티드 또는 본 발명의 다른 분자의 합성은 화학적 또는 효소적일 수 있다.

[1106] *표적화된 세포*: 본원에 사용된 "표적화된 세포"는 관심 있는 임의의 하나 이상의 세포를 지칭한다. 세포는 시험관내, 생체내, 그 자리(in situ) 또는 유기체의 조직 또는 기관에서 발견될 수 있다. 유기체는 동물, 바람직하게는 포유류, 보다 바람직하게는 인간 및 가장 바람직하게는 환자이다.

[1107] *치료제*: 본원에 사용된 "치료제"는 대상에 투여되는 경우 치료적, 진단적 및/또는 예방적 효과를 갖고/갖거나 목적하는 생물학적 및/또는 약학적 효과를 야기하는 임의의 제제를 지칭한다.

[1108] *치료적 유효량*: 본원에 사용된 용어 "치료적 유효량"은 전달되는 제제(예컨대, 핵산, 약물, 치료제, 진단제, 예방제, 등)의 충분한 양을 감염, 질환, 장애 및/또는 상태를 앓고 있거나 취약한 대상에게, 증상의 치료, 개선, 진단, 예방 및/또는 감염, 질환, 장애 및/또는 상태의 발병의 지연을 위해 대상에게 투여되는 경우를 의미한다.

[1109] *치료적 유효량*: 본원에 사용된 용어 "치료적 유효량"은 감염, 질환, 장애 및/또는 상태를 앓고 있거나 취약한 대상에게, 증상의 치료, 개선, 진단, 예방 및/또는 감염, 질환, 장애 및/또는 상태의 발병의 지연을 위해 충분한 결과를 가져오는 결과를 의미한다.

[1110] *총 일일 투여량*: 본원에 사용된 "총 일일 투여량"은 24시간 주기 내에 주어진 또는 처방된 양이다. 이는 단일 단위 투여량으로서 투여될 수 있다.

[1111] *형질감염*: 본원에 사용된 용어 "형질감염"은 외인성 핵산을 세포 내로 도입하는 방법을 지칭한다. 형질도입 방법은 비제한적으로 화학적 방법, 물리적 처리 및 양이온 지질 또는 혼합물을 포함한다.

[1112] *치료*: 본원에 사용된 용어 "치료"는 특정 감염, 질환, 장애 및/또는 상태의 하나 이상의 증상 또는 특징을 부분적으로 또는 완전히 경감, 개량, 개선, 완화, 발병을 지연, 진행을 저해, 및/또는 발생을 감소시키는 것을 지칭한다. 예컨대, 암을 "치료하다"는 종양의 생존, 성장 및/또는 확산을 저해하는 것을 지칭할 수 있다. 치료는, 질환, 장애 및/또는 상태와 관련된 병리 발달의 위험을 감소시킬 목적으로, 질환, 장애 및/또는 상태의 징후를 나타내지 않는 대상, 및/또는 질환, 장애 및/또는 상태의 조기 징후를 나타내는 대상에 투여될 수 있다.

[1113] *비변형된*: 본원에 사용된 "비변형된"은 임의의 방법으로 변화되기 이전의 임의의 물질, 화합물 또는 분자를 지칭한다. 비변형된 것은 생체 분자의 야생형 또는 자연적인 형태를 지칭하지만 항상 그러한 것은 아니다. 분자는 일련의 변형을 겪을 수 있고, 이에 따라 각 변형된 분자는 후속 변형을 위한 "비변형된" 출발 분자로써 작용할 수 있다.

[1114] VII. 균등물 및 범위

[1115] 당업자는, 통상적인 실험을 사용하여 본원에 기재된 발명에 따른 특정 구현예에 대한 다수의 균등물을 사용하여 인지하거나 확인할 수 있을 것이다. 본 발명의 범위는 전술된 설명에 한정되는 것으로 의도되는 것이 아니라, 오히려 첨부된 청구범위에서 설명되는 바와 같다.

[1116] 청구범위에서, 단수형 명사는 문맥에 반하여 지시되지 않는 한, 하나 이상을 의미할 수 있다. 군의 하나 이상의 구성원 사이에 "또는"을 포함하는 청구범위 또는 설명은, 문맥에 반하는 것으로 명시되어 있지 않는 한, 군 구성원의 하나, 하나 이상 또는 모두가 주어진 생성물 또는 방법에 존재하거나, 사용되거나 다른 방식으로 관련이 있는 경우, 만족한 것으로 간주된다. 본 발명은 군의 정확히 하나의 구성원이 주어진 생성물 또는 방법에 존재하거나, 사용되거나 다른 방식으로 관련되어 있는 구현예를 포함한다. 본 발명은 주어진 산물 또는 방법에 대해 하나 이상, 또는 모든 군의 구성원이 존재, 사용 또는 다른 방식으로 관련 있는 경우의 구현예를 포함한다.

[1117] 또한, 용어 "포함하는"은 개방되고 허용되는 것으로 의도되지만, 추가 요소 또는 단계의 포함을 요하지 않음을 유의해야 한다. 용어 "포함하는"이 사용된 경우, 용어 "로 이루어진"은 따라서 포함되고 개시된다.

[1118] 달리 정의되지 않는 한, 본원에 사용된 모든 기술적이고 과학적인 용어는 본 발명이 속하는 기술분야의 당업자 중 하나에 의해 일반적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는다. 본 발명에서 사용하기 위하여 방법 및 물질이 개시되며, 당업계에 공지된 다른 적절한 방법 및 물질이 또한 사용될 수 있다.

[1119] 범위가 주어진 경우, 끝점이 포함된다. 추가로, 당업자 중 한명의 맥락 및 이해로부터 달리 지시되거나 다른 방식으로 명백하지 않는 한, 범위로 표현된 값은 본 발명의 상이한 구현예에서 언급된 범위 이내의 임의의 특정 값 또는 하위범위를, 문맥이 다른 방식으로 명백하게 지시되지 않는 한, 범위의 하한 단위의 1/10으로 가정할 수 있음이 이해되어야 한다.

[1120] 추가로, 선행기술에 속하는 본 발명의 임의의 특정 구현예가 임의의 하나 이상의 청구범위로부터 명백하게 배제될 수 있음이 이해되어야 한다. 이러한 구현예는 당업자에게 공지된 것으로 간주되므로, 본원에서 명백하게 배제가 명시되지 않아도 배제될 수 있다. 본 발명의 조성물의 특정 구현예(예컨대, 임의의 핵산 또는 이에 의해 암호화된 단백질; 임의의 제조 방법; 임의의 사용 방법 등)은 선행 기술의 존재 여부와 관계없이 어떤 이유로든 하나 이상의 주장에서 제외 될 수 있다.

[1121] 인용문헌에 명시적으로 언급되지 않은 경우에도, 모든 본원에 인용된 출처, 예컨대 참조문헌, 공개문헌, 데이터베이스, 데이터베이스 항목 및 인용된 기술은 참조로써 본 출원서에 포함된다. 인용된 출처와 본 출원서의 서술이 상충되는 경우에, 본 출원서에 있는 서술이 우선한다.

[1122] 섹션 및 표 머리말은 제한하려는 의도는 아니다.

[1123] VIII. 실시예

[1124] 실시예 1. 조절성 폴리뉴클레오티드 설계(인공 pri- 또는 pre-마이크로RNA)

[1125] 인공 pri- 또는 pre-마이크로RNA를 표적 핵산, 예컨대 RNA 또는 DNA와 적어도 부분적으로 혼성화될 수 있는 하나 이상의 가닥 및 하나 이상의 다음의 특징을 갖는 인공 miR(또는 인공 siRNA 또는 성숙 miRNA)을 암호화하는 shRNA 또는 줄기 루프 구조를 함유하도록 설계하였다: (a) 기저 줄기의 염기에 UG 모티프, (b) miRNA 루프의 5' 말단에 UGUG 모티프, (c) 가이드 가닥 5' 말단에 우리딘, (d) 표준 마이크로RNA 예컨대 miR-22로부터 유도된 루프 구조, (e) 3' 측부 서열에 CNNC, (f) 표준 마이크로RNA 예컨대 let-7b의 측부 영역, (g) 가이드 및 패신저 가닥 후에 줄기에서의 하나 이상의 동요(wobble) 염기-쌍, 벌지 및 미스매치, 및/또는 (h) 패신저와 가이드 가닥 사이에 하나 이상의 동요 염기-쌍, 벌지 및 미스매치.

[1126] 설계한 후, 이 서열을 플라스미드에 조작 또는 합성 또는 삽입하고 세포 또는 유기체에 투여하였다. 적절한 플라스미드 또는 벡터는 표적 세포를 형질감염 또는 형질도입시키는 임의의 것이다.

[1127] 아데노-관련 바이러스 벡터(AAV), 바이러스 입자 또는 전체의 바이러스를 사용할 수 있다.

[1128] 투여는 조절성 폴리뉴클레오티드를 처리하여 표적 핵산의 발현 수준을 변경하는 인공 마이크로RNA를 생성한다.

[1129] 표적의 효과적인 넉다운이 당업계의 방법에 의해 결정될 수 있고, 임의의 비표적 효과일 경우 거의 나타나지 않을 것이다.

[1130] 조절성 폴리뉴클레오티드, 예컨대 pri- 또는 pre-마이크로RNA의 효과적인 패신저-가이드 가닥 이중가닥은 처리를 측정하였을 때 8 내지 10배 초과의 가이드 대 패신저 가닥의 비를 나타냈다.

[1131] <u>실시예 2. 패신저-가이드 가닥 최적화</u>

[1132] 특이적이고 강력한 표적 넉다운 또는 표적 발현의 조절을 달성하기 위해, 본 발명의 pri- 또는 pre-마이크로RNA의 줄기-루프 구조의 이중 가닥 줄기를 형성하는 패신저 및 가이드 가닥은 개별적으로, 예컨대 siRNA(작은 간섭 RNA)로서 최적화될 수 있다.

[1133] siRNA를 이중가닥의 가닥의 3' 말단에 다이뉴클레오티드 오버행을 갖는 19 염기 쌍의 중심 이중가닥을 갖는 표준 siRNA로서 선택되는 표적 핵산에 대해 설계하였고, 이때, 안티센스 가닥(가이드 가닥)은 19 뉴클레오티드 영역에 걸쳐 표적 핵산에 완벽한 상보성을 갖는다.

[1134] 다르게는, 센스 가닥(패신저 가닥)이 표적 핵산에 대해 19 뉴클레오티드 미만의 동일성을 포함하도록 siRNA를 설계하였다.

[1135] 센스-안티센스(패신저-가이드) 가닥 이중가닥 염기 쌍의 변형은 동요, 벌지 또는 미스매치를 도입시켜 제조된다. 삽입 또는 결실 또는 미스매치는 센스 가닥(패신저 가닥)의 5' 또는 3' 말단에 혼입될 수 있으며, 이러한 삽입 또는 결실은 안티센스 가닥(가이드 가닥)에 반영되거나 반영되지 않을 수 있다.

[1136] 생성된 siRNA를 표적 넉다운 및 다른 관련있는 생리학적 및 약물동력학적 특징 및 비표적 효과 정도에 대해 당업계에 공지된 표준 방법으로 시험하였다.

[1137] 적은 비표적 효과로 충분한 표적 넉다운을 나타내는 siRNA를 추가의 변형 또는 추가의 변형 없이 본 발명의 pri- 또는 pre-마이크로RNA의 패신저 및 가이드 가닥으로서 조작하였다.

[1138] <u>실시예 3. HTT를 표적화하는 pri 및 pre-마이크로RNA</u>

[1139] 효과적이라고 밝혀진 패신저-가이드 가닥 이중가닥을 조작하여 발현 벡터를 만들고 중추 신경계 또는 신경 세포주 또는 다른 기원의 불멸화된 세포주의 세포에 형질감염시켰다. siRNA 넉다운 연구에서 사용된 오버행은 siRNA에 대한 표준 dTdT이지만, 합성 pri- 또는 pre-miR에서 오버행은 임의의 다이뉴클레오티드 오버행을 포함할 수 있다.

[1140] 사용된 세포는 1차 세포이거나 유도만능줄기세포(iPS 세포)로부터 유래될 수 있다.

[1141] 이어서, 표적의 넉다운을 측정하고 깊은 서열분석(deep sequencing)을 수행하여 발현 벡터에 투여된 각 pri- 또는 pre-마이크로RNA로부터 처리된 정확한 패신저 및 가이드 가닥을 결정하였다.

[1142] 가이드 대 패신저 가닥의 비를 계산하여 어셈블리, 예컨대 RNA 유도된 침묵 복합체(RISC)로의 어셈블리의 효율을 결정하였다.

[1143] 가이드 및 패신저 가닥의 5' 말단을 시퀀싱하여 절단 부위를 결정하고 표적의 5' 말단 프로세싱 정밀도를 결정하였다. 프로세싱 정밀도는 85%보다 높을 것으로 예측된다.

[1144] 표적의 시험관내 넉다운을 분석하기 위해 병행 시험에서 HeLa 세포를 동시-형질감염시켰다. 동시에, 세포-기반 루시퍼라제 리포터 검정을 확립하고; 가이드 가닥 표적 부위를 함유하는 루시퍼라제 작제물을 사용하여 표적(on-target) 효과를 평가하고, 패신저 가닥 표적 부위를 갖는 작제물을 이용하여 비-표적(off-target)(패신저 가닥) 효과를 결정한다.

[1145] 심도 시퀀싱을 다시 수행하였다.

[1146] <u>실시예 4. AAV-miRNA 벡터에서 pri-miRNA 작제물</u>

[1147] 설계된 siRNA의 패신저-가이드 가닥 이중가닥을 AAV-miRNA 발현 벡터 내로 조작하였다. 5'에서 3'으로 언급되는 ITR에서 ITR까지의 작제물은 돌연변이 또는 야생형 ITR, 프로모터(CMV, H1, U6 또는 CBA 프로모터(CMVie 인핸서, CB 프로모터 및 SV40 또는 사람 베타글로빈 인트론을 포함함)), 표적에 대한 pri-miRNA 작제물, 토끼 글로빈 또는 사람 성장 호르몬 폴리A 및 야생형 ITR을 포함한다. AAV-miRNA 발현 벡터의 효율을 시험하기 위해

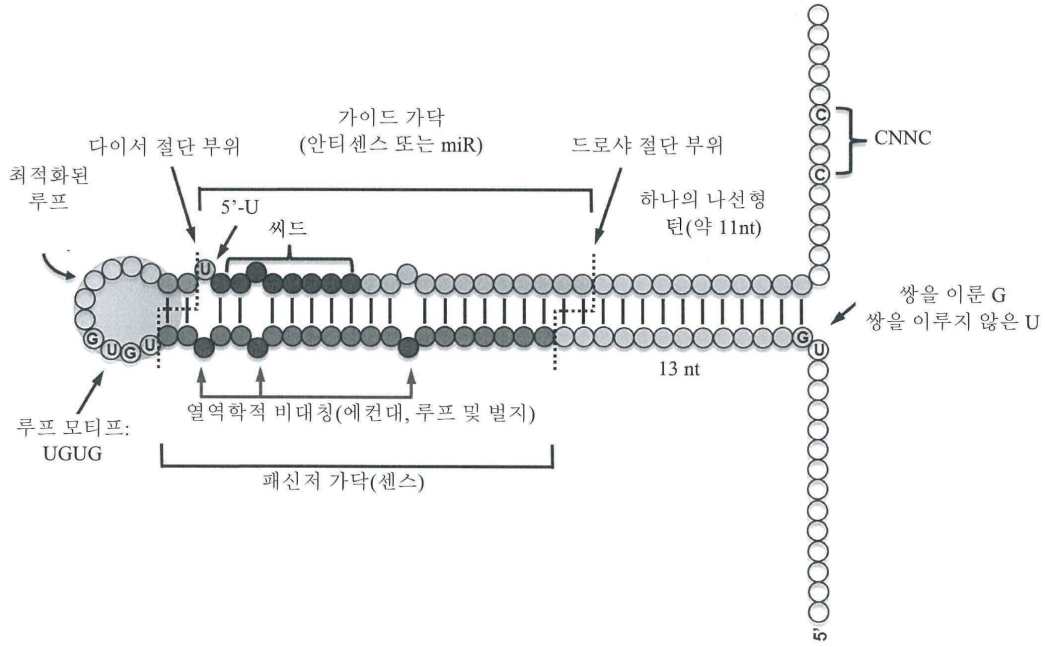
시험관내 및 생체내 연구를 수행하였다.

[1148] 본 발명은 몇몇 설명된 구현예와 관련하여 일부 길이 및 일부 상세하게 설명되었지만, 임의의 이러한 특정 사항 또는 구현예 또는 임의의 특정한 구현예로 제한되어야 하는 것으로 의도된 것은 아니지만, 선행 기술의 관점에서 이러한 청구범위의 가장 광범위한 가능한 해석을 제공하고, 따라서 본 발명의 의도된 범위를 효과적으로 포함하도록 첨부된 청구범위를 참조하여 해석되어야 한다.

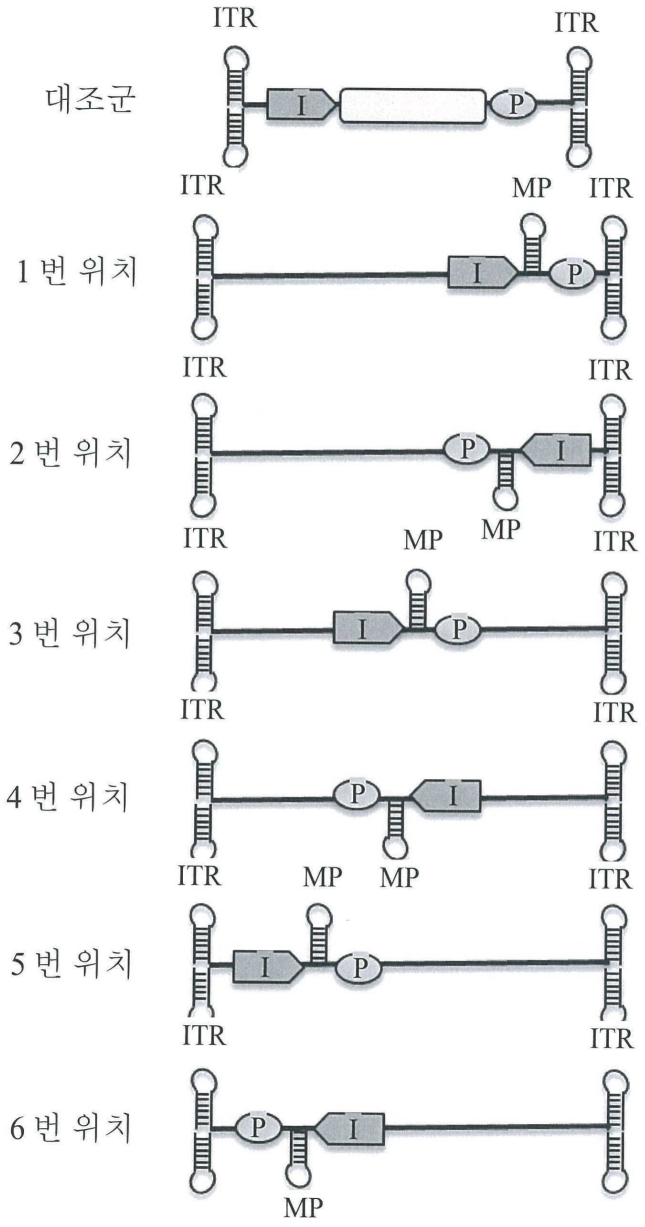
[1149] 본원에서 언급된 모든 간행물, 특허 출원, 특허 및 다른 참조문헌은 그 전체가 참조로써 본원에 포함된다. 상충하는 경우, 정의를 포함하여 본 명세서에 따른다. 추가로, 섹션 말머리, 재료, 방법 및 실시예는 단지 예시적인 것이며 제한하려는 의도가 아니다.

도면

도면1



도면2



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> VOYAGER THERAPEUTICS, INC.

<120> MODULATORY POLYNUCLEOTIDES

<130> 2057.1039PCT

<150> US 62/338,137

<151> 2016-05-18

<150> US 62/485,050

<151> 2017-04-13

<160> 943

<170> KoPatentIn 3.0

<210> 1

<211> 50

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1

uuuaugccuc auccucugag ugcugaaggc uugcuguagg cuguaugcug 50

<210> 2

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 2

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaa 54

<210> 3

<211> 100

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 3

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga 100

<210> 4

<211> 54

<212> RNA

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 4

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggga 54

<210> 5

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 5

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaa 54

<210> 6

<211> 35

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 6

gggcccuccc gcagaacacc augcgcucca cggaa 35

<210> 7

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 7

cucccgcaga acaccaugcg cuccacggaa 30

<210> 8

<211> 55

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 8

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaag 55

<210> 9

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 9

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccuc ggaa 54

<210> 10

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 10

ugugaccugg 10

<210> 11

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 11

ugugauuugg 10

<210> 12

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 12

uauaauuugg 10

<210> 13

<211> 11

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 13

ccugacccag u 11

<210> 14

<211> 18

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 14

gucugcaccu gucacuag 18

<210> 15

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 15

gugacccaag 10

<210> 16

<211> 15

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 16

guggccacug agaag 15

<210> 17

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 17

gugacccaau 10

<210> 18

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 18

gugacccaac 10

<210> 19

<211> 15

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 19

guggccacug agaaa 15

<210> 20

<211> 50

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 20

aguguaugau gccuguuacu agcauucaca uggaacaaau ugcugccgug 50

<210> 21

<211> 52

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 21

cugaggagcg ccuugacagc agccauggga gggccgcccc cuaccucagu ga 52

<210> 22

<211> 52

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 22

cuguggagcg ccuugacagc agccauggga gggccgcccc cuaccucagu ga 52

<210> 23

<211> 100

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 23

uggccgugua gugcuaccca gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc 60

ugggcaccag ucagcuaccc ugguggggaau cuggguagcc 100

<210> 24

<211> 99

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 24

ggccguguag ugcuacccag cgcuggcugc cuccucagca uugcaauucc ucucccaucu 60

gggcaccagu cagcuacccu gguggggaauc uggguagcc 99

<210> 25

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 25

uccugaggag cgccuugaca gcagccaugg gagggccgcc cccuaccuca guga 54

<210> 26

<211> 35

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 26

cugaggagcg ccuugacagc agccauggga gggcc 35

<210> 27

<211> 52

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 27

cugcggagcg ccuugacagc agccauggga gggccgcccc cuaccucagu ga 52

<210> 28

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 28

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 29

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 29

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 30

<211> 4718

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 30

ttgcccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60
agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120
ggcaactcca tcactagggg taatcgcgaa gcgcctccca cgctgccgcg tcagcgctga 180

cgtaaattac gtcatagggg agtggtcctg tattagctgt cacgtgagtg cttttgcgac 240
attttgcgac accacgtggc catttagggt atatatggcc gagtgagcga gcaggatctc 300
cattttgacc gcgaaatttg aacgagcagc agccatgccg ggcttctacg agatcgtgat 360
caaggtgccg agcgacctgg acgagcacct gccgggcatt tctgactcgt ttgtgagctg 420
ggtggccgag aaggaatggg agctgccccc ggattctgac atggatctga atctgattga 480
gcaggcaccc ctgaccgtgg ccgagaagct gcagcgcgac ttcctggtcc aatggcgccg 540
cgtgagtaag gccccggagg ccctcttctt tgttcagttc gagaagggcg agtcctactt 600

ccacctccat attctggtgg agaccacggg ggtcaaatcc atggtgctgg gccgcttcct 660
gagtcagatt agggacaagc tggtgcagac catctaccgc gggatcgagc cgaccctgcc 720
caactggttc gcggtgacca agacgcgtaa tggcgccgga ggggggaaca aggtggtgga 780
cgagtgctac atccccaact acctcctgcc caagactcag cccgagctgc agtgggcgtg 840
gactaacatg gaggagtata taagcgcctg tttgaacctg gccgagcgca aacggctcgt 900
ggcgcagcac ctgacccacg tcagccagac ccaggagcag aacaaggaga atctgaaccc 960
caattctgac gcgcctgtca tccggtcaaa aacctccgcg cgctacatgg agctggtcgg 1020

gtggctggtg gaccggggca tcacctccga gaagcagtgg atccaggagg accaggcctc 1080
gtacatctcc ttcaacgccg cttccaactc gcggtcccag atcaaggccg ctctggacaa 1140
tgccggcaag atcatggcgc tgaccaaatc cgcgcccgac tacctggtag gccccgctcc 1200
gcccgcggac attaaaacca accgcatcta ccgcatcctg gagctgaacg gctacgaacc 1260

tgcctacgcc ggctccgtct ttctcggctg ggcccagaaa aggttcggga agcgcaacac 1320
catctggctg tttgggccgg ccaccacggg caagaccaac atcgcggaag ccatcgccca 1380
cgccgtgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaatgattg 1440

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 1500
cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgcgtggac caaaagtgca agtcgtccgc 1560
ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 1620
cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 1680
actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggtgaca aagcaggaag tcaaagagtt 1740
cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 1800
tggagccaac aaaagacccg cccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcctg 1860

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 1920
caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 1980
gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga cgagagactg 2040
ttcagagtgc ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 2100
gaaactctgt gccattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 2160
cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 2220
gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 2280

gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaagcccaa agccaaccag caaaagcagg 2340
acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 2400
acaaggggga gcccgtcaac gcggcggacg cagcggccct cgagcacgac aaggcctacg 2460
accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taaccacgcc gacgccgagt 2520
ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 2580
aggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 2640
ctggaaagaa acgtccggta gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 2700

gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 2760
agtcagtccc cgatccacaa cctctcggag aacctccagc aacccccgct gctgtgggac 2820
ctactacaat ggcttcaggc ggtggcgcac caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg 2880
gagtgggtaa tgcctcagga aattggcatt gcgattccac atggctgggc gacagagtca 2940
tcaccaccag cacccgcacc tgggccttgc ccacctacaa taaccacctc tacaagcaaa 3000
tctccagtgc ttcaacgggg gccagcaacg acaaccacta cttcggctac agcacccccct 3060

ggggtattt tgatttcaac agattccact gccacttttc accacgtgac tggcagcgac 3120

tcatcaacaa caattgggga ttccggccca agagactcaa cttcaaactc ttcaacatcc 3180
aagtcaagga ggtcacgacg aatgatggcg tcacaaccat cgctaataac cttaccagca 3240
cggttcaagt cttctcggac tcggagtacc agcttccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 3300
agggctgcct ccctccgttc ccggcggacg tgttcatgat tccgcaatac ggctacctga 3360
cgctcaacaa tggcagccaa gccgtgggac gttcatcctt ttactgcctg gaatatttcc 3420
cttctcagat gctgagaacg ggcaacaact ttaccttcag ctacaccttt gaggaagtgc 3480
ctttccacag cagctacgcg cacagccaga gcctggaccg gctgatgaat cctctcatcg 3540

accaatacct gtattacctg aacagaactc aaaatcagtc cggaagtgcc caaaacaagg 3600
acttgctgtt tagccgtggg tctccagctg gcatgtctgt tcagcccaaa aactggctac 3660
ctggaccctg ttatcggcag cagcgcgttt ctaaaacaaa aacagacaac aacaacagca 3720
attttacctg gactggtgct tcaaaatata acctcaatgg gcgtgaatcc atcatcaacc 3780
ctggcactgc tatggcctca cacaaagacg acgaagacaa gttctttccc atgagcggtg 3840
tcatgatttt tggaaaagag agcgccggag cttcaaacac tgcattggac aatgtcatga 3900
ttacagacga agaggaaatt aaagccacta accctgtggc caccgaaaga tttgggaccg 3960

tggcagtcaa tttccagagc agcagcacag accctgcgac cggagatgtg catgctatgg 4020
gagcattacc tggcatggtg tggcaagata gagacgtgta cctgcagggt cccatttggg 4080
ccaaaattcc tcacacagat ggacactttc acccgtctcc tcttatgggc ggctttggac 4140
tcaagaaccc gcctcctcag atcctcatca aaaacacgcc tgttcctgcg aatcctccgg 4200
cggagttttc agctacaaag tttgcttcat tcatcaccca atactccaca ggacaagtga 4260
gtgtggaaat tgaatgggag ctgcagaaag aaaacagcaa gcgctggaat cccgaagtgc 4320
agtacacatc caattatgca aaatctgcca acgttgattt tactgtggac aacaatggac 4380

tttatactga gcctcgcccc attggcaccc gttaccttac ccgtcccctg taattacgtg 4440
ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctcctgtc cttcttatct 4500
tatcggttac catggttata gcttacacat taactgcttg gttgcgcttc gcgataaaag 4560
acttacgtca tcgggttacc cctagtgatg gagttgccca ctccctctct gcgcgctcgc 4620
tcgctcggtg gggcctgcgg accaaaggtc cgcagacggc agagctctgc tctgccggcc 4680
ccaccgagcg agcgagcgcg cagagaggga gtgggcaa 4718

<210> 31
<211> 3131
<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 31

gcggccgcga attcgccctt ggctgcgtca actggaccaa tgagaacttt cccttcaatg 60

attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggtcgtgg 120

agtccgccaa ggccattctc ggcggcagca aggtgcgcgt ggaccaaaag tgcaagtcgt 180

ccgcccagat cgaccccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga 240

ttgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcctct ccaggaccgg atgtttaagt 300

tcgaactcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gacaaagcag gaagtcaaag 360

agttcttccg ctgggccagt gatcacgtga ccgaggtggc gcatgagttt tacgtcagaa 420

agggcggagc cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga taaaagcgag cccaagcggg 480

cctgcccctc agtcgcggat ccatcgacgt cagacgcgga aggagctccg gtggactttg 540

ccgacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct 600

gcaaaacgtg cgagagaatg aatcggaatt tcaacatttg cttcacacac ggggtcagag 660

actgctcaga gtgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aagaggacgt 720

atcggaaact ccgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc tcccgagatt gcttgctcgg 780

cctgcgatct ggtcaacgtg gacctggatg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaaa 840

ccaggtatgg ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc 900

attcgcgagt ggtgggcgct gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag 960

caggacgacg gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020

ctcgacaagg gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggct 1080

tacgaccagc agctgcaggc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc 1140

gagtttcagg agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200

ttccaggcca agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg 1260

gctcctggaa agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctcctctacg 1320

ggcatcggca agaaaggcca acagcccgcc agaaaaagac tcaattttgg tcagactggc 1380

gactcagagt cagttccaga ccctcaacct ctcggagaac ctccagcagc gccctctggt 1440

gtgggaccta atacaatggc tgcaggcggt ggcgcaccaa tggcagacaa taacgaaggc 1500

gccgacggag tgggtagttc ctcgggaaat tggcattgcg attccacatg gctgggcgac 1560

agagtcatca ccaccagcac ccgaacctgg gccctgccca cctacaacaa ccacctctac 1620

aagcaaatct ccaacgggac atcgggagga gccaccaacg acaacaccta cttcggctac 1680

agcacccccct gggggtattt tgactttaac agattccact gccacctttc accacgtgac 1740

tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga ttccgaccca agagactcag cttcaagctc 1800

ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac 1860

ctcaccagca ccatccaggt gtttacggac tcggagtacc agctgccgta cgttctcggc 1920

tctgtccacc agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tgttcatgat tccccagtac 1980

ggctacctaa cactcaacaa cggtagtcag gccgtgggac gctcctcctt ctactgcctg 2040

gaatactttc cttcgcagat gctgagaacc ggcaacaact tccagtttac ttacaccttc 2100

gaggacgtgc ctttccacag cagctacgcc cacagctaga gcttggaccg gctgatgaat 2160

cctctgattg accagtacct gtactacttg tctcggactc aaacaacagg aggcacggca 2220

aatacgcaga ctctgggctt cagccaaggt gggcctaata caatggccaa tcaggcaaag 2280

aactggctgc caggaccctg ttaccgccaa caacgcgtct caacgacaac cgggcaaaac 2340

aacaatagca actttgcctg gactgctggg accaaatacc atctgaatgg aagaaattca 2400

ttggctaatc ctggcatcgc tatggcaaca cacaaagacg acgaggagcg tttttttccc 2460

agtaacggga tcctgatttt tggcaaacaa aatgctgcca gagacaatgc ggattacagc 2520

gatgtcatgc tcaccagcga ggaagaaatc aaaaccacta accctgtggc tacagaggaa 2580

tacggtatcg tggcagataa cttgcagcag caaaacacgg ctcctcaaat tggaactgtc 2640

aacagccagg gggccttacc cggtatggtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt 2700

cccatctggg ccaagattcc tcacacggac ggcaacttcc acccgtctcc gctgatgggc 2760

ggctttggcc tgaaacatcc tccgcctcag atcctgatca agaacacgcc tgtacctgcg 2820

gatcctccga ccaccttcaa ccagtcaaag ctgaactctt tcatcacgca atacagcacc 2880

ggacaggtca gcgtggaaat tgaatgggag ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac 2940

cccgagatcc agtacacctc caactactac aaatctataa gtgtggactt tgctgttaat 3000

acagaaggcg tgtactctga accccgcccc attggcaccc gttacctcac ccgtaatctg 3060

taattgcctg ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga 3120

agggcgaatt c 3131

<210> 32

<211> 255

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 32

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 60

accagcaccc gaacctgggt cctgcccacc tacaacaacc acatctacaa gcaaatctcc 120

agcgagacag gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 180

tttgacttta acagattcca ctgccacttt tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 33

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 33

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Glu Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Ala Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 34
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 10
<400> 34
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 35

<211> 258

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 11

<400> 35

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 60

accagcaccc gaacctgggc cctgccaacc tacaacaacc acctctacaa acaaatctcc 120

agcgcttcaa cgggggccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 180

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 240

aacaacaact ggggattc 258

<210> 36

<211> 255

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 12

<400> 36

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60

accagcaccc ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120

agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ttgggggtat 180

tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 37

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 37

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 38

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 38

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 39

<211> 621

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 39

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Gly His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60
Thr Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Met His Val Leu Val Glu
85 90 95

Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110
Arg Glu Lys Leu Ile Gln Arg Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Gln Tyr Leu
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Thr Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Lys Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Gln
275 280 285

Pro Val Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Thr Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Thr Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Lys Asp His Val Val Glu Val

465 470 475 480

Glu His Glu Phe Tyr Val Lys Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Ser Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Val Arg Glu Ser Val

500 505 510

Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Ser Ile Asn Tyr Ala Asp

515 520 525

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu

530 535 540

Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Ser Asn Ile Cys
545 550 555 560
Phe Thr His Gly Gln Lys Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu
565 570 575
Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Ala Tyr Gln Lys Leu Cys Tyr
580 585 590
Ile His His Ile Met Gly Lys Val Pro Asp Ala Cys Thr Ala Cys Asp
595 600 605

Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Ile Phe Glu Gln
610 615 620
<210> 40
<211> 4675
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 40
ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60
cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120
gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180
ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240
gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300

ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360
accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420
aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga 480
ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540
cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600
tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660
aaaaactgat tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg 720

tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc 780
ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840
agtatttaag cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga 900
cgcacgtgtc gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960
cggtgatcag atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca 1020

aggggattac ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca 1080
atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140

tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt 1200
ccagcaatcg gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt 1260
ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320
ggcctgcaac taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380
acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440
tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc 1500
tcggaggaag caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga 1560

ctcccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620
ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680
tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agactttttc cggtgggcaa 1740
aggatcacgt ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa 1800
gacccgcccc cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860
agccatcgac gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat 1920
gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980

atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg 2040
tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100
atcatatcat gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt 2160
tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220
cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa 2280
cctggcccac caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg 2340
cttcctgggt acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac 2400

gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgta caaagcctac gaccggcagc tcgacagcgg 2460
agacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgcggag tttcaggagc gccttaaaga 2520
agatacgtct tttgggggca acctcggacg agcagtcttc caggcgaaaa agagggttct 2580
tgaacctctg ggcctggttg aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt 2640
agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctcgggaacc ggaaaggcgg gccagcagcc 2700
tgcaagaaaa agattgaatt ttggtcagac tggagacgca gactcagtac ctgacccccca 2760

gcctctcgga cagccaccag cagccccctc tggtctggga actaatacga tggctacagg 2820

cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggcgccgac ggagtgggta attcctccgg 2880
aaattggcat tgcgattcca catggatggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac 2940
ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaaacaa atttccagcc aatcaggagc 3000
ctcgaacgac aatcactact ttggctacag cacccccttgg gggtattttg acttcaacag 3060
attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt 3120
ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa 3180
tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg gttcaggtgt ttactgactc 3240

ggagtaccag ctcccgtacg tcctcggctc ggcgcatcaa ggatgcctcc cgccgttccc 3300
agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtcaggc 3360
agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtaccgg 3420
aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct ttccacagca gctacgctca 3480
cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac cagtacctgt attacttgag 3540
cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg cttcagtttt ctcaggccgg 3600
agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct ggaccctgtt accgccagca 3660

gcgagtatca aagacatctg cggataacaa caacagtgaa tactcgtgga ctggagctac 3720
caagtaccac ctcaatggca gagactctct ggtgaatccg gccatggcaa gccacaagga 3780
cgatgaagaa aagtttttc ctcagagcgg ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga 3840
gaaaacaaat gtgaacattg aaaaggtcat gattacagac gaagaggaaa tcggaacaac 3900
caatcccgtg gctacggagc agtatggttc tgtatctacc aacctccaga gaggcaacag 3960
acaagcagct accgcagatg tcaacacaca aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga 4020
cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt 4080

tcacccctct cccctcatgg gtggattcgg acttaaacac cctcctccac agattctcat 4140
caagaacacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc agtgcggcaa agtttgcttc 4200
cttcatcaca cagtactcca cgggacacgg tcagcgtgga gatcgagtgg gagctgcaga 4260
aggaaaacag caaacgctgg aatcccgaaa ttcagtacac ttccaactac aacaagtctg 4320
ttaatcgtgg acttaccgtg gatactaatg gcgtgtattc agagcctcgc cccattggca 4380
ccagatacct gactcgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccgtt taattcgttt 4440
cagttgaact ttggtctctg cgtatttctt tcttatctag tttccatggc tacgtagata 4500

agtagcatgg cgggttaatc attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc 4560

cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg 4620

gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg gccaa 4675

<210> 41

<211> 4679

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 41

ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180

ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240

gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300

ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360

accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420

aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga 480

ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540

cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600

tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660

aaaaactgat tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg 720

tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc 780

ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840

agtatttaag cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga 900

cgcacgtgtc gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960

cggtgatcag atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca 1020

aggggattac ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca 1080

atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140

tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt 1200

ccagcaatcg gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt 1260

ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320

ggcctgcaac taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380

acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440

tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc 1500
tcggaggaag caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga 1560
ctcccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620
ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680
tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agactttttc cggtgggcaa 1740
aggatcacgt ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa 1800
gacccgcccc cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860

agccatcgac gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat 1920
gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980
atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg 2040
tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100
atcatatcat gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt 2160
tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220
cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa 2280

cctggcccac caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg 2340
cttcctgggt acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac 2400
gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaagcctacg accggcagct cgacagcgga 2460
gacaacccgt acctcaagta caaccacgcc gacgcggagt ttcaggagcg ccttaaagaa 2520
gatacgtctt ttgggggcaa cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt 2580
gaacctctgg gcctggttga ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta 2640
gagcactctc ctgtggagcc agactcctcc tcgggaaccg gaaaggcggg ccagcagcct 2700

gcaagaaaaa gattgaattt tggtcagact ggagacgcag actcagtacc tgacccccag 2760
cctctcggac agccaccagc agccccctct ggtctgggaa ctaatacgat ggctacaggc 2820
agtggcgcac caatggcaga caataacgag ggcgccgacg gagtgggtaa ttcctccgga 2880
aattggcatt gcgattccac atggatgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc 2940
tgggccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaaacaaa tttccagcca atcaggagcc 3000
tcgaacgaca atcactactt tggctacagc acccccttggg ggtattttga cttcaacaga 3060
ttccactgcc acttttcacc acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc 3120

cgacccaaga gactcaactt caagctcttt aacattcaag tcaaagaggt cacgcagaat 3180

gacggtacga cgacgattgc caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg 3240

gagtaccagc tcccgtacgt cctcggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgttccca 3300

gcagacgtct tcatggtgcc acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggca 3360

gtaggacgct cttcatttta ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtaccgga 3420

aacaacttta ccttcagcta cacttttgag gacgttcctt tccacagcag ctacgctcac 3480

agccagagtc tggaccgtct catgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ttacttgagc 3540

agaacaaaca ctccaagtgg aaccaccacg cagtcaaggc ttcagtttc tcaggccgga 3600

gcgagtgaca ttcgggacca gtctaggaac tggcttcctg gaccctgtta ccgccagcag 3660

cgagtatcaa agacatctgc ggataacaac aacagtgaat actcgtggac tggagctacc 3720

aagtaccacc tcaatggcag agactctctg gtgaatccgg gcccggccat ggcaagccac 3780

aaggacgatg aagaaaagtt ttttcctcag agcggggttc tcatctttgg gaagcaaggc 3840

tcagagaaaa caaatgtgga cattgaaaag gtcatgatta cagacgaaga ggaaatcagg 3900

acaaccaatc ccgtggctac ggagcagtat ggttctgtat ctaccaacct ccagagaggc 3960

aacagacaag cagctaccgc agatgtcaac acacaaggcg ttcttccagg catggtctgg 4020

caggacagag atgtgtacct tcaggggccc atctgggcaa agattccaca cacggacgga 4080

cattttcacc cctctcccct catgggtgga ttcggactta aacaccctcc tccacagatt 4140

ctcatcaaga acaccccggt acctgcgaat ccttcgacca ccttcagtgc ggcaaagttt 4200

gcttccttca tcacacagta ctccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg 4260

cagaaggaaa acagcaaacg ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag 4320

tctgttaatg tggactttac tgtggacact aatggcgtgt attcagagcc tcgccccatt 4380

ggcaccagat acctgactcg taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc 4440

gtttcagttg aactttggtc tctgcgtatt tctttcttat ctagtttcca tggctacgta 4500

gataagtagc atggcgggtt aatcattaac tacaaggaac ccctagtgat ggagttggcc 4560

actccctctc tgcgcgctcg ctcgctcact gaggccgggc gaccaaaggt cgcccgacgc 4620

ccgggctttg cccgggcggc ctcagtgagc gagcgagcgc gcagagaggg agtggccaa 4679

<210> 42

<211> 725

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 5

<400> 42

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg

130 135 140

Ile Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp

145 150 155 160

Ser Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser

165 170 175

Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp

180 185 190

Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly

195 200 205

Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr

210 215 220

Trp Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu

225 230 235 240

Pro Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val

245 250 255

Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser

305 310 315 320

Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr

325 330 335

Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly

340 345 350

Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser

370 375 380

Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val

435 440 445

Gln Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn

450 455 460

Trp Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser

465 470 475 480

Gly Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met

485 490 495

Glu Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met
500 505 510
Thr Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met

515 520 525
Ile Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu
530 535 540
Glu Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn
545 550 555 560
Arg Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser
565 570 575
Ser Thr Thr Ala Pro Thr Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val

580 585 590
Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile
595 600 605
Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala
610 615 620
Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys
625 630 635 640
Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val

645 650 655
Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met
660 665 670
Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile
675 680 685
Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro
690 695 700
Asp Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr

705 710 715 720
Leu Thr Arg Pro Leu
725
<210> 43

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<220><221> MOD_RES

<222> (434)..(434)

<223> Any amino acid

<400> 43

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Xaa Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460
Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510
Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575
Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640
Tyr Ser Glu Pro

<210> 44
<211> 1933
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 44
caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagt gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360
tggtacaatg gttgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420
agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480
caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600
ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840
gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900
tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080
ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320
tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttctccc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacgccg gtacctgcta atcctccaga 1740
agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 45

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 45

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Cys Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Val Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Ser Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 46

<211> 1933

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 46

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360
tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420
agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcat 480
caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600
ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840
gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900
tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080
ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320
tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
ttactctgag cct 1933

<210> 47
<211> 644
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 47

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15
Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45
Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60
Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110
Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 48

<211> 1933

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 48

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
ttactctgag cct 1933

<210> 49
<211> 644
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 49

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15
Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45
Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60
Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110
Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 50

<211> 1933

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 50

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aatagcgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagc ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
ttactctgag cct 1933

<210> 51
<211> 644
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 51

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15
Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45
Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60
Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110
Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125
Ala Pro Met Ala Asp Asn Ser Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 52

<211> 1933

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 52

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggacc cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaaga ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860
gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920
ttactctgag cct 1933

<210> 53
<211> 644
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 53

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15
Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45
Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60
Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110
Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Pro Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Ile Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 54

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 54

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Thr Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Arg Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Gly Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 55

<211> 3121

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 55

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgactg 60

tgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga ggggaagatg accgccaagg tcgtggagtc 120

ggccaaagcc attctcggag gaagcaaggt gcgcgtggac cagaaatgca agtcctcggc 180

ccagatagac ccgactcccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaactca acgaccttcg aacaccagca gccgttgcaa gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggatc atgactttgg gaaggtcacc aagcaggaag tcaaagactt 360

tttccggtgg gcaaaggatc acgtggttga ggtggagcac gaattctacg tcaaaaaggg 420

tggagccaag aaaagacccg cccccagtga cgcagatata agtgagccca aacgggtgcg 480

cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgatcaact acgcagacag 540

gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgcggg catgaatctg atgctgtttc cctgcagaca 600

atgcgagaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcact cacggacaga aagactgttt 660

agagtgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcaaaaagg cgtatcagaa 720

actgtgctac attcatcata tcatgggaaa ggtgccagac gcttgcactg cctgcgatct 780

ggtcgatgtg gatttggatg actgcatctt tgaacaataa atgatttaaa tcaggtatgg 840

ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900

ggtgggcgct gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag caggacggcg 960

gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020

gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080

agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc gagtttcagg 1140

agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200

agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260

agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctcctctacg ggcatcggca 1320

agaaaggcca gcagcccgcg aaaaagagac tcaactttgg gcagactggc gactcagagt 1380

cagtgcccga ccctcaacca atcggagaac cccccgcagg cccctctggt ctgggatctg 1440

gtacaatggc tgcaggcggt ggcgctccaa tggcagacaa taacgaaggc gccgacggag 1500

tgggtagttc ctcaggaaat tggcattgcg attccacatg gctgggcgac tgagtcatca 1560

ccaccagcac ccgaacctgg gccctcccca cctacaacaa ccacctctac aagcaaatct 1620

ccaacgggac ttcgggagga agcaccaacg acaacaccta cttcggctac agcacccccct 1680

gggggtattt tgactttaac agattccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac 1740

tcatcaacaa caactgggga ttccggccca agagactcaa cttcaagctc ttcaacatcc 1800

aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac cttaccagca 1860

cgattcaggt ctttacggac tcggaatacc agctcccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 1920

agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tcttcatgat tcctcagtac gggtacctga 1980

ctctgaacaa tggcagtcag gccgtgggcc gttcctcctt ctactgcctg gagtactttc 2040

cttctcaaat gctgagaacg ggcaacaact ttgagttcag ctaccagttt gaggacgtgc 2100

cttttcacag cagctacgcg cacagccaaa gcctggaccg gctgatgaac cccctcatcg 2160

accagtacct gtactacctg tctcggactc agtccacggg aggtaccgca ggaactcagc 2220

agttgctatt ttctcaggcc gggcctaata acatgtcggc tcaggccaaa aactggctac 2280

ccgggccctg ctaccggcag taacgcgtct ccacgacact gtcgcaaaat aacaacagca 2340

actttgtctg gaccggtgcc accaagtatc atctgaatgg cagagactct ctggtagatc 2400

ccggtgtcgc tatggcaacc cacaaggacg acgaagagcg atttttttccg tccagcggag 2460

tcataatgtt tgggaaacag ggagctggaa aagacaacgt ggactatagc agcgtcatgc 2520

taaccagtga ggaagaaatt aaaaccacca acccagtggc cacagaacag tacggcgtgg 2580

tggccgataa cctgcaacag caaaacgccg ctcctattgt aggggccgtc aacagtcaag 2640

gagccttacc tggcatggtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt cctacctggg 2700

ccaagattcc tcacacggac ggaaactttc atccctcgcc gctgatggga ggctttggac 2760

tgaaacaccc gcctcctcag atcctgatta agaatacacc tgttcccgcg gatcctccaa 2820

ctaccttcag tcaagctaag ctggcgtcgt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880

gcgtggaaat tgaatgggag ctgcaggaag aaaacagcaa acgctggaac ccagagattc 2940

aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgttaac acagatggca 3000

cttattctga gcctcgcccc atcggcaccc gttacctcac ccgtaatctg taattgcttg 3060

ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 56

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 56

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Gly Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Ser Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asp Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 57
<211> 3121
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 57
gaattcgccc ttcgcgagac caaagttcaa ctgaaacgaa tcaaccggtt tattgattaa 60
caagcaatta cagattacgg gtgaggtaac gggtgccgat ggggcgaggc tcagaataag 120

tgccatctgt gttaacagca aagtccacat ttgtagattt gtagtagttg gaagtgtatt 180
gaatctctgg gttccagcgt ttgctgtttt ctttctgcag ctcccattca atttccacgc 240
tgacctgtcc ggtgctgtac tgcgtgatga acgacgccag cttagcttga ctgaaggtag 300
ttggaggatc cgcgggaaca ggtgtattct taatcaggat ctgaggaggc gggtgtttca 360
gtccaaagcc tcccatcagc ggcgagggat gaaagtttcc gtccgtgtga ggaatcttgg 420
cccagatagg accctgcagg tacacgtccc ggttctgcca gaccatgcca ggtaaggctc 480
cttgactgtt gacggcccct acaataggag cggcgttttg ctgttgcagg ttatcggcca 540

ccacgccgta ctgttctgtg gccactgggt tggtggtttt aatttcttcc tcactggtta 600
gcataacgct gctatagtcc acgttgtctt ttccagctcc ctgtttccca aacattaaga 660
ctccgctgga cggaaaaaat cgctcttcgt cgtccttgtg ggttgccata gcgacaccgg 720
gatttaccag agagtctctg ccattcagat gatacttggt ggcaccggtc caggcaaagt 780
tgctgttgtc attttgcgac agtgtcgtgg agacgcgttg ctgccggtag cagggcccgg 840
gtagccagtt tttggcctga gccgacatgt tattaggccc ggcctgagaa aatagcaact 900
gctgagttcc tgcggtacct cccgtggact gagtccgaga caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg gttcatcagc cggtccaggc tttggctgtg cgcgtagctg ctgtgaaaag 1020
gcacgtcctc aaactggtag ctgaactcaa agttgttgcc cgttctcagc atttgagaag 1080
gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac ggcccacggc ctgactgcca ttgttcagag 1140
tcaggtaccc gtactgagga atcatgaaga cgtccgccgg gaacggaggc aggcagccct 1200
ggtgcgcaga gccgaggacg tacgggagct ggtattccga gtccgtaaag acctgaatcg 1260
tgctggtaag gttattggcg atggtcttgg tgccttcatt ctgcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa gagcttgaag ttgaggctct tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttaaagtca aaataccccc 1440
agggggtgct gtagccgaag taggtgttgt cgttggtgct tcctcccgaa gtcccgttgg 1500
agatttgctt gtagaggtgg ttgttgtagg tggggagggc ccaggttcgg gtgctggtgg 1560
tgatgactcc gtcgcccagc catgtggaat cgcaatgcca atttcctgag gaactaccca 1620
ctccgtcggc gccttcgtta ttgtctgcca ttggagcgcc accgcctgca gccattgtac 1680
cagatcccag accagagggg cctgcggggg gttctccgat tggttgaggg tcgggcactg 1740
actctgagtc gccagtctgc ccaaagttga gtctcttttt cgcgggctgc tggcctttct 1800

tgccgatgcc cgtagaggag tctggagaac gctggggtga tggctctacc ggtctcttct 1860
ttccaggagc cgtcttagcg ccttcctcaa ccagaccgag aggttcgaga acccgcttct 1920
tggcctggaa gactgctcgc ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct tgcagacgct 1980
cctgaaactc ggcgtcggcg tggttatacc gcaggtacgg attgtcaccc gctttgagct 2040
gctggtcgta ggccttgtcg tgctcgaggg ccgctgcgtc cgccgcgttg acgggctccc 2100
ccttgtcgag tccgttgaag ggtccgaggt acttgtagcc aggaagcacc agaccccggc 2160
cgtcgtcctg cttttgctgg ttggctttgg gcttcggggc tccaggtttc agcgcccacc 2220

actcgcgaat gccctcagag aggttgtcct cgagccaatc tggaagataa ccatcggcag 2280
ccatacctga tttaaatcat ttattgttca aagatgcagt catccaaatc cacattgacc 2340
agatcgcagg cagtgcaagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat gtagcacagt 2400
ttctgatacg ccttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg aaagcactct 2460
aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat tctctcgcat 2520
tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt gttttggtac 2580
ctgtctgcgt agttgatcga agcttccgcg tctgacgtcg atggctgcgc aactgactcg 2640

cgcacccgtt tgggctcact tatatctgcg tcactggggg cgggtctttt cttggctcca 2700
cccttttga cgtagaattc atgctccacc tcaaccacgt gatcctttgc ccaccggaaa 2760
aagtctttga cttcctgctt ggtgaccttc ccaaagtcat gatccagacg gcgggtgagt 2820
tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggtcgt tgagttcccg 2880
tcaatcacgg cgcacatgtt ggtgttggag gtgacgatca cgggagtcgg gtctatctgg 2940
gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgcttc ctccgagaat ggctttggcc 3000
gactccacga ccttggcggt catcttcccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgaca 3060

cagtcgttga agggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agccgtagaa agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 58

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 58

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaagg gggctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160
tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgtg a 2211

<210> 59
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 3
<400> 59
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly

130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 60

<211> 4726

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 60

ttggccactc cctctatgcg cactcgctcg ctcggtgggg cctggcgacc aaaggtcgcc 60

agacggacgt gctttgcacg tccggcccca ccgagcgagc gagtgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcactagagg tatggcagtg acgtaacgcg aagcgcgcga agcgagacca 180

cgcctaccag ctgcgtcagc agtcaggtga ccctttgcg acagtttgcg acaccacgtg 240

gccgctgagg gtatatattc tcgagtgagc gaaccaggag ctccattttg accgcgaaat 300

ttgaacgagc agcagccatg ccggggttct acgagattgt cctgaaggtc ccgagtgacc 360

tggacgagcg cctgccgggc atttctaact cgtttgttaa ctgggtggcc gagaaggaat 420

gggacgtgcc gccggattct gacatggatc cgaatctgat tgagcaggca cccctgaccg 480

tggccgaaaa gcttcagcgc gagttcctgg tggagtggcg ccgcgtgagt aaggccccgg 540

aggccctctt ttttgtccag ttcgaaaagg gggagaccta cttccacctg cacgtgctga 600

ttgagaccat cggggtcaaa tccatggtgg tcggccgcta cgtgagccag attaaagaga 660

agctggtgac ccgcatctac cgcggggtcg agccgcagct tccgaactgg ttcgcggtga 720
ccaaaacgcg aaatggcgcc gggggcggga acaaggtggt ggacgactgc tacatcccca 780
actacctgct ccccaagacc cagcccgagc tccagtgggc gtggactaac atggaccagt 840
atttaagcgc ctgtttgaat ctcgcggagc gtaaacggct ggtggcgcag catctgacgc 900
acgtgtcgca gacgcaggag cagaacaaag agaatcagaa ccccaattct gacgcgccgg 960
tcatcaggtc aaaaacctca gccaggtaca tggagctggt cgggtggctg gtggaccgcg 1020
ggatcacgtc agaaaagcaa tggattcagg aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg 1080

ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg ccgcgctgga caatgcctcc aagatcatga 1140
gcctgacaaa gacggctccg gactacctgg tgggcagcaa cccgccggag gacattacca 1200
aaaatcggat ctaccaaatc ctggagctga acgggtacga tccgcagtac gcggcctccg 1260
tcttcctggg ctgggcgcaa aagaagttcg ggaagaggaa caccatctgg ctctttgggc 1320
cggccacgac gggtaaaacc aacatcgcgg aagccatcgc ccacgccgtg cccttctacg 1380
gctgcgtaaa ctggaccaat gagaactttc ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga 1440
tctggtggga ggagggcaag atgacggcca aggtcgtgga gagcgccaag gccattctgg 1500

gcggaagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt gcaagtcatc ggcccagatc gaacccactc 1560
ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct 1620
tcgagcatca gcagccgctg caggaccgga tgtttgaatt tgaacttacc cgccgtttgg 1680
accatgactt tgggaaggtc accaaacagg aagtaaagga ctttttccgg tgggcttccg 1740
atcacgtgac tgacgtggct catgagttct acgtcagaaa gggtggagct aagaaacgcc 1800
ccgcctccaa tgacgcggat gtaagcgagc caaaacggga gtgcacgtca cttgcgcagc 1860
cgacaacgtc agacgcggaa gcaccggcgg actacgcgga caggtaccaa aacaaatgtt 1920

ctcgtcacgt gggcatgaat ctgatgcttt ttccctgtaa aacatgcgag agaatgaatc 1980
aaatttccaa tgtctgtttt acgcatggtc aaagagactg tggggaatgc ttccctggaa 2040
tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaagaagac ttatcagaaa ctgtgtccaa 2100
ttcatcatat cctgggaagg gcacccgaga ttgcctgttc ggcctgcgat ttggccaatg 2160
tggacttgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat ggctgctgac 2220
ggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctttctgaag gcattcgtga gtggtgggct 2280
ctgaaacctg gagtccctca acccaaagcg aaccaacaac accaggacaa ccgtcggggt 2340

cttgtgcttc cgggttacaa atacctcgga cccggtaacg gactcgacaa aggagagccg 2400
gtcaacgagg cggacgcggc agccctcgaa cacgacaaag cttacgacca gcagctcaag 2460
gccggtgaca acccgtacct caagtacaac cacgccgacg ccgagtttca ggagcgtctt 2520
caagaagata cgtcttttgg gggcaacctt ggcagagcag tcttccaggc caaaaagagg 2580
atccttgagc ctcttggtct ggttgaggaa gcagctaaaa cggctcctgg aaagaagggg 2640
gctgtagatc agtctcctca ggaaccggac tcatcatctg gtgttggcaa atcgggcaaa 2700
cagcctgcca gaaaaagact aaatttcggt cagactggag actcagagtc agtcccagac 2760

cctcaacctc tcggagaacc accagcagcc cccacaagtt tgggatctaa tacaatggct 2820
tcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgagggtg ccgatggagt gggtaattcc 2880
tcaggaaatt ggcattgcga ttcccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 2940
agaacctggg ccctgcccac ttacaacaac catctctaca agcaaatctc cagccaatca 3000
ggagcttcaa acgacaacca ctactttggc tacagcaccc cttgggggta ttttgacttt 3060
aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcattaa caacaactgg 3120
ggattccggc ccaagaaact cagcttcaag ctcttcaaca tccaagttag aggggtcacg 3180

cagaacgatg gcacgacgac tattgccaat aaccttacca gcacggttca agtgtttacg 3240
gactcggagt atcagctccc gtacgtgctc gggtcggcgc accaaggctg tctcccgccg 3300
tttccagcgg acgtcttcat ggtccctcag tatggatacc tcaccctgaa caacggaagt 3360
caagcggtgg gacgctcatc cttttactgc ctggagtact tcccttcgca gatgctaagg 3420
actggaaata acttccaatt cagctatacc ttcgaggatg tacctttca cagcagctac 3480
gctcacagcc agagtttgga tcgcttgatg aatcctctta ttgatcagta tctgtactac 3540
ctgaacagaa cgcaaggaac aacctctgga acaaccaacc aatcacggct gctttttagc 3600

caggctgggc ctcagtctat gtctttgcag gccagaaatt ggctacctgg gccctgctac 3660
cggcaacaga gactttcaaa gactgctaac gacaacaaca acagtaactt tccttggaca 3720
gcggccagca aatatcatct caatggccgc gactcgctgg tgaatccagg accagctatg 3780
gccagtcaca aggacgatga agaaaaattt ttccctatgc acggcaatct aatatttggc 3840
aaagaaggga caacggcaag taacgcagaa ttagataatg taatgattac ggatgaagaa 3900
gagattcgta ccaccaatcc tgtggcaaca gagcagtatg gaactgtggc aaataacttg 3960
cagagctcaa atacagctcc cacgactgga actgtcaatc atcagggggc cttacctggc 4020

atggtgtggc aagatcgtga cgtgtacctt caaggaccta tctgggcaaa gattcctcac 4080
acggatggac actttcatcc ttctcctctg atgggaggct ttggactgaa acatccgcct 4140
cctcaaatca tgatcaaaaa tactccggta ccggcaaatc ctccgacgac tttcagcccg 4200

gccaagtttg cttcatttat cactcagtac tccactggac aggtcagcgt ggaaattgag 4260

tgggagctac agaaagaaaa cagcaaacgt tggaatccag agattcagta cacttccaac 4320

tacaacaagt ctgttaatgt ggactttact gtagacacta atggtgttta tagtgaacct 4380

cgccctattg gaacccggta tctcacacga aacttgtgaa tcctggttaa tcaataaacc 4440

gtttaattcg tttcagttga actttggctc ttgtgcactt ctttatcttt atcttgtttc 4500

catggctact gcgtagataa gcagcggcct gcggcgcttg cgcttcgcgg tttacaactg 4560

ctggttaata tttaactctc gccatacctc tagtgatgga gttggccact ccctctatgc 4620

gcactcgctc gctcggtggg gcctggcgac caaaggtcgc cagacggacg tgctttgcac 4680

gtccggcccc accgagcgag cgagtgcgca tagagggagt ggccaa 4726

<210> 61

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 61

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Asn Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Glu Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asp Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 62

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 62

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaagg gggctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 63

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 63

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140
Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 64

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3A

<400> 64

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly

130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 65

<211> 624

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3A

<400> 65

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu Arg Leu Pro Gly Ile Ser Asn Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Asp Val Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Pro Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Thr Tyr Phe His Leu His Val Leu Ile Glu

85 90 95

Thr Ile Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Leu

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Ser Asn

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Thr Lys Asn Arg Ile Tyr Gln Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Glu Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Asp Val
465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Ser Asn Asp Ala Asp Val Ser Glu Pro Lys Arg Glu Cys Thr Ser Leu
500 505 510
Ala Gln Pro Thr Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Ala Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Ile Ser Asn Val Cys
545 550 555 560

Phe Thr His Gly Gln Arg Asp Cys Gly Glu Cys Phe Pro Gly Met Ser
565 570 575
Glu Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Lys Thr Tyr Gln Lys Leu
580 585 590
Cys Pro Ile His His Ile Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser
595 600 605
Ala Cys Asp Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 66
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 3B
<400> 66
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 67

<211> 624

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3B

<400> 67

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asn Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Pro Asn Leu Ile
35 40 45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu
50 55 60
Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Thr Tyr Phe His Leu His Val Leu Ile Glu
85 90 95
Thr Ile Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110
Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Leu
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Ser Asn

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Thr Lys Asn Arg Ile Tyr Gln Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Asp Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Ser Asn Asp Ala Asp Val Ser Glu Pro Lys Arg Gln Cys Thr Ser Leu
500 505 510
Ala Gln Pro Thr Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Ala Asp Tyr Ala Asp
515 520 525

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Ile Ser Asn Val Cys
545 550 555 560
Phe Thr His Gly Gln Arg Asp Cys Gly Glu Cys Phe Pro Gly Met Ser
565 570 575
Glu Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Lys Thr Tyr Gln Lys Leu
580 585 590

Cys Pro Ile His His Ile Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser
595 600 605
Ala Cys Asp Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 68
<211> 4722
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 3B
<400> 68

tggccactcc ctctatgcgc actcgctcgc tcggtggggc ctggcgacca aaggtcgcca 60
gacggacgtg ctttgcacgt ccggccccac cgagcgagcg agtgcgcata gagggagtgg 120
ccaactccat cactagaggt atggcagtga cgtaacgcga agcgcgcgaa gcgagaccac 180

gcctaccagc tgcgtcagca gtcaggtgac ccttttgcga cagtttgcga caccacgtgg 240
ccgctgaggg tatatattct cgagtgagcg aaccaggagc tccattttga ccgcgaaatt 300
tgaacgagca gcagccatgc cggggttcta cgagattgtc ctgaaggtcc cgagtgacct 360
ggacgagcac ctgccgggca tttctaactc gtttgttaac tgggtggccg agaaggaatg 420
ggagctgccg ccggattctg acatggatcc gaatctgatt gagcaggcac ccctgaccgt 480
ggccgaaaag cttcagcgcg agttcctggt ggagtggcgc cgcgtgagta aggccccgga 540
ggccctcttt tttgtccagt tcgaaaaggg ggagacctac ttccacctgc acgtgctgat 600

tgagaccatc ggggtcaaat ccatggtggt cggccgctac gtgagccaga ttaaagagaa 660
gctggtgacc cgcatctacc gcggggtcga gccgcagctt ccgaactggt tcgcggtgac 720
caaaacgcga aatggcgccg ggggcgggaa caaggtggtg gacgactgct acatccccaa 780
ctacctgctc cccaagaccc agcccgagct ccagtgggcg tggactaaca tggaccagta 840
tttaagcgcc tgtttgaatc tcgcggagcg taaacggctg gtggcgcagc atctgacgca 900
cgtgtcgcag acgcaggagc agaacaaaga gaatcagaac cccaattctg acgcgccggt 960
catcaggtca aaaacctcag ccaggtacat ggagctggtc gggtggctgg tggaccgcgg 1020

gatcacgtca gaaaagcaat ggattcagga ggaccaggcc tcgtacatct ccttcaacgc 1080
cgcctccaac tcgcggtccc agatcaaggc cgcgctggac aatgcctcca agatcatgag 1140
cctgacaaag acggctccgg actacctggt gggcagcaac ccgccggagg acattaccaa 1200
aaatcggatc taccaaatcc tggagctgaa cgggtacgat ccgcagtacg cggcctccgt 1260
cttcctgggc tgggcgcaaa agaagttcgg gaagaggaac accatctggc tctttgggcc 1320
ggccacgacg ggtaaaacca acatcgcgga agccatcgcc cacgccgtgc ccttctacgg 1380
ctgcgtaaac tggaccaatg agaactttcc cttcaacgat tgcgtcgaca agatggtgat 1440

ctggtgggag gagggcaaga tgacggccaa ggtcgtggag agcgccaagg ccattctggg 1500
cggaagcaag gtgcgcgtgg accaaaagtg caagtcatcg gcccagatcg aacccactcc 1560
cgtgatcgtc acctccaaca ccaacatgtg cgccgtgatt gacgggaaca gcaccacctt 1620
cgagcatcag cagccgctgc aggaccggat gtttaaattt gaacttaccc gccgtttgga 1680
ccatgacttt gggaaggtca ccaaacagga agtaaaggac tttttccggt gggcttccga 1740
tcacgtgact gacgtggctc atgagttcta cgtcagaaag ggtggagcta agaaacgccc 1800
cgcctccaat gacgcggatg taagcgagcc aaaacggcag tgcacgtcac ttgcgcagcc 1860

gacaacgtca gacgcggaag caccggcgga ctacgcggac aggtaccaaa acaaatgttc 1920
tcgtcacgtg ggcatgaatc tgatgctttt tccctgtaaa acatgcgaga gaatgaatca 1980
aatttccaat gtctgtttta cgcatggtca aagagactgt ggggaatgct tccctggaat 2040
gtcagaatct caacccgttt ctgtcgtcaa aaagaagact tatcagaaac tgtgtccaat 2100
tcatcatatc ctgggaaggg cacccgagat tgcctgttcg gcctgcgatt tggccaatgt 2160
ggacttggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgctgacg 2220
gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tttctgaagg cattcgtgag tggtgggctc 2280

tgaaacctgg agtccctcaa cccaaagcga accaacaaca ccaggacaac cgtcggggtc 2340
ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggtaacgg actcgacaaa ggagagccgg 2400
tcaacgaggc ggacgcggca gccctcgaac acgacaaagc ttacgaccag cagctcaagg 2460

ccggtgacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtcttc 2520
aagaagatac gtcttttggg ggcaaccttg gcagagcagt cttccaggcc aaaaagagga 2580
tccttgagcc tcttggtctg gttgaggaag cagctaaaac ggctcctgga aagaagaggc 2640
ctgtagatca gtctcctcag gaaccggact catcatctgg tgttggcaaa tcgggcaaac 2700

agcctgccag aaaaagacta aatttcggtc agactggcga ctcagagtca gtcccagacc 2760
ctcaacctct cggagaacca ccagcagccc ccacaagttt gggatctaat acaatggctt 2820
caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg ggtaattcct 2880
caggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcacca 2940
gaacctgggc cctgcccact tacaacaacc atctctacaa gcaaatctcc agccaatcag 3000
gagcttcaaa cgacaaccac tactttggct acagcacccc ttgggggtat tttgacttta 3060
acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcattaac aacaactggg 3120

gattccggcc caagaaactc agcttcaagc tcttcaacat ccaagttaaa gaggtcacgc 3180
agaacgatgg cacgacgact attgccaata accttaccag cacggttcaa gtgtttacgg 3240
actcggagta tcagctcccg tacgtgctcg ggtcggcgca ccaaggctgt ctcccgccgt 3300
ttccagcgga cgtcttcatg gtccctcagt atggatacct caccctgaac aacggaagtc 3360
aagcggtggg acgctcatcc ttttactgcc tggagtactt cccttcgcag atgctaagga 3420
ctggaaataa cttccaattc agctatacct tcgaggatgt accttttcac agcagctacg 3480
ctcacagcca gagtttggat cgcttgatga atcctcttat tgatcagtat ctgtactacc 3540

tgaacagaac gcaaggaaca acctctggaa caaccaacca atcacggctg ctttttagcc 3600
aggctgggcc tcagtctatg tctttgcagg ccagaaattg gctacctggg ccctgctacc 3660
ggcaacagag actttcaaag actgctaacg acaacaacaa cagtaacttt ccttggacag 3720
cggccagcaa atatcatctc aatggccgcg actcgctggt gaatccagga ccagctatgg 3780
ccagtcacaa ggacgatgaa gaaaaatttt tccctatgca cggcaatcta atatttggca 3840
aagaagggac aacggcaagt aacgcagaat tagataatgt aatgattacg gatgaagaag 3900
agattcgtac caccaatcct gtggcaacag agcagtatgg aactgtggca aataacttgc 3960

agagctcaaa tacagctccc acgactagaa ctgtcaatga tcagggggcc ttacctggca 4020
tggtgtggca agatcgtgac gtgtaccttc aaggacctat ctgggcaaag attcctcaca 4080
cggatggaca ctttcatcct tctcctctga tgggaggctt tggactgaaa catccgcctc 4140
ctcaaatcat gatcaaaaat actccggtac cggcaaatcc tccgacgact ttcagcccgg 4200
ccaagtttgc ttcatttatc actcagtact ccactggaca ggtcagcgtg gaaattgagt 4260
gggagctaca gaaagaaaac agcaaacgtt ggaatccaga gattcagtac acttccaact 4320

acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tagacactaa tggtgtttat agtgaacctc 4380

gccctattgg aacccggtat ctcacacgaa acttgtaatc ctggttaatc aataaaccgt 4440

ttaattcgtt tcagttgaac tttggctctt gtgcacttct tatcttatct tgtttccatg 4500

gctactgcgt agataagcag cggcctgcgg cgcttgcgct tcgcggttta caactgctgg 4560

ttaatattta actctcgcca tacctctagt gatggagttg gccactccct ctatgcgcac 4620

tcgctcgctc ggtggggccg gacgtgcaaa gcacgtccgt ctggcgacct ttggtcgcca 4680

ggccccaccg agcgagcgag tgcgcataga gggagtggcc aa 4722

<210> 69

<211> 1800

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (342)..(342)

<223> a, c, t or g

<400> 69

acggctcctg gaaagaagag accgttgatt gaatcccccc agcagcccga ctcctccacg 60

ggtatcggca aaaaaggcaa gcagccggct aaaaagaagc tcgttttcga agacgaaact 120

ggagcaggcg acggaccccc tgagggatca acttccggag ccatgtctga tgacagtgag 180

atgcgtgcag cagctggcgg agctgcagtc gagggsggac aaggtgccga tggagtgggt 240

aatgcctcgg gtgattggca ttgcgattcc acctggtctg agggccacgt cacgaccacc 300

agcaccagaa cctgggtctt gcccacctac aacaaccacc tntacaagcg actcggagag 360

agcctgcagt ccaacaccta caacggattc tccacccccct ggggatactt tgacttcaac 420

cgcttccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcatcaacaa caactggggc 480

atgcgaccca aagccatgcg ggtcaaaatc ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgacg 540

tcgaacggcg agacaacggt ggctaataac cttaccagca cggttcagat ctttgcggac 600

tcgtcgtacg aactgccgta cgtgatggat gcgggtcaag agggcagcct gcctcctttt 660

cccaacgacg tctttatggt gccccagtac ggctactgtg gactggtgac cggcaacact 720

tcgcagcaac agactgacag aaatgccttc tactgcctgg agtactttcc ttcgcagatg 780

ctgcggactg gcaacaactt tgaaattacg tacagttttg agaaggtgcc tttccactcg 840

atgtacgcgc acagccagag cctggaccgg ctgatgaacc ctctcatcga ccagtacctg 900

tggggactgc aatcgaccac caccggaacc accctgaatg ccgggactgc caccaccaac 960

tttaccaagc tgcggcctac caacttttcc aactttaaaa agaactggct gcccgggcct 1020

tcaatcaagc agcagggctt ctcaaagact gccaatcaaa actacaagat ccctgccacc 1080

gggtcagaca gtctcatcaa atacgagacg cacagcactc tggacggaag atggagtgcc 1140

ctgacccccg gacctccaat ggccacggct ggacctgcgg acagcaagtt cagcaacagc 1200

cagctcatct ttgcggggcc taaacagaac ggcaacacgg ccaccgtacc cgggactctg 1260

atcttcacct ctgaggagga gctggcagcc accaacgcca ccgatacgga catgtggggc 1320

aacctacctg gcggtgacca gagcaacagc aacctgccga ccgtggacag actgacagcc 1380

ttgggagccg tgcctggaat ggtctggcaa aacagagaca tttactacca gggtcccatt 1440

tgggccaaga ttcctcatac cgatggacac tttcacccct caccgctgat tggtgggttt 1500

gggctgaaac acccgcctcc tcaaattttt atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1560

gcaacgacct tcagctctac tccggtaaac tccttcatta ctcagtacag cactggccag 1620

gtgtcggtgc agattgactg ggagatccag aaggagcggt ccaaacgctg gaaccccgag 1680

gtccagttta cctccaacta cggacagcaa aactctctgt tgtgggctcc cgatgcggct 1740

gggaaataca ctgagcctag ggctatcggt acccgctacc tcacccacca cctgtaataa 1800

<210> 70

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (750)..(750)

<223> a, c, t or g

<400> 70

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggsggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctn tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaataa 2208

<210> 71

<211> 1872

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 71

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agactttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgtgggtatg 1620

aatctgatgc tttttccctg ccggcaatgc gagagaatga atcagaatgt ggacatttgc 1680

ttcacgcacg gggtcatgga ctgtgccgag tgcttccccg tgtcagaatc tcaacccgtg 1740

tctgtcgtca gaaagcggac gtatcagaaa ctgtgtccga ttcatcacat catggggagg 1800

gcgcccgagg tggcctgctc ggcctgcgaa ctggccaatg tggacttgga tgactgtgac 1860

atggaacaat aa 1872

<210> 72

<211> 1611

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 72

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agactttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacagattg gctagaggac aacctctctg a 1611

<210> 73

<211> 1872

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 73

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agactttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgtgggtatg 1620

aatctgatgc tttttccctg ccggcaatgc gagagaatga atcagaatgt ggacatttgc 1680

ttcacgcacg gggtcatgga ctgtgccgag tgcttccccg tgtcagaatc tcaacccgtg 1740

tctgtcgtca gaaagcggac gtatcagaaa ctgtgtccga ttcatcacat catggggagg 1800

gcgcccgagg tggcctgctc ggcctgcgaa ctggccaatg tggacttgga tgactgtgac 1860

atggaacaat aa 1872

<210> 74

<211> 1617

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (162)..(162)

<223> a, c, t or g

<400> 74

atgcgtgcag cagctggcgg agctgcagtc gagggsggac aaggtgccga tggagtgggt 60

aatgcctcgg gtgattggca ttgcgattcc acctggtctg agggccacgt cacgaccacc 120

agcaccagaa cctgggtctt gcccacctac aacaaccacc tntacaagcg actcggagag 180

agcctgcagt ccaacaccta caacggattc tccacccccct ggggatactt tgacttcaac 240

cgcttccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcatcaacaa caactggggc 300

atgcgaccca aagccatgcg ggtcaaaatc ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgacg 360

tcgaacggcg agacaacggt ggctaataac cttaccagca cggttcagat ctttgcggac 420

tcgtcgtacg aactgccgta cgtgatggat gcgggtcaag agggcagcct gcctcctttt 480

cccaacgacg tctttatggt gccccagtac ggctactgtg gactggtgac cggcaacact 540

tcgcagcaac agactgacag aaatgccttc tactgcctgg agtactttcc ttcgcagatg 600

ctgcggactg gcaacaactt tgaaattacg tacagttttg agaaggtgcc tttccactcg 660

atgtacgcgc acagccagag cctggaccgg ctgatgaacc ctctcatcga ccagtacctg 720

tggggactgc aatcgaccac caccggaacc accctgaatg ccgggactgc caccaccaac 780

tttaccaagc tgcggcctac caacttttcc aactttaaaa agaactggct gcccgggcct 840

tcaatcaagc agcagggctt ctcaaagact gccaatcaaa actacaagat ccctgccacc 900

gggtcagaca gtctcatcaa atacgagacg cacagcactc tggacggaag atggagtgcc 960

ctgacccccg gacctccaat ggccacggct ggacctgcgg acagcaagtt cagcaacagc 1020

cagctcatct ttgcggggcc taaacagaac ggcaacacgg ccaccgtacc cgggactctg 1080

atcttcacct ctgaggagga gctggcagcc accaacgcca ccgatacgga catgtggggc 1140

aacctacctg gcggtgacca gagcaacagc aacctgccga ccgtggacag actgacagcc 1200

ttgggagccg tgcctggaat ggtctggcaa aacagagaca tttactacca gggtcccatt 1260

tgggccaaga ttcctcatac cgatggacac tttcacccct caccgctgat tggtgggttt 1320

gggctgaaac acccgcctcc tcaaattttt atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1380

gcaacgacct tcagctctac tccggtaaac tccttcatta ctcagtacag cactggccag 1440

gtgtcggtgc agattgactg ggagatccag aaggagcggt ccaaacgctg gaaccccgag 1500

gtccagttta cctccaacta cggacagcaa aactctctgt tgtgggctcc cgatgcggct 1560

gggaaataca ctgagcctag ggctatcggt acccgctacc tcacccacca cctgtaa 1617

<210> 75

<211> 939

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 75

atggagctgg tcgggtggct ggtggaccgc gggatcacgt cagaaaagca atggatccag 60

gaggaccagg cgtcctacat ctccttcaac gccgcctcca actcgcggtc acaaatcaag 120

gccgcgctgg acaatgcctc caaaatcatg agcctgacaa agacggctcc ggactacctg 180

gtgggccaga acccgccgga ggacatttcc agcaaccgca tctaccgaat cctcgagatg 240

aacgggtacg atccgcagta cgcggcctcc gtcttcctgg gctgggcgca aaagaagttc 300

gggaagagga acaccatctg gctctttggg ccggccacga cgggtaaaac caacatcgcg 360

gaagccatcg cccacgccgt gcccttctac ggctgcgtga actggaccaa tgagaacttt 420

ccgttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc 480

aaggtcgtag agagcgccaa ggccatcctg ggcggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 540

tgcaagtcat cggcccagat cgacccaact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 600

tgcgcggtca tcgacggaaa ctcgaccacc ttcgagcacc aacaaccact ccaggaccgg 660

atgttcaagt tcgagctcac caagcgcctg gagcacgact ttggcaaggt caccaagcag 720

gaagtcaaag actttttccg gtgggcgtca gatcacgtga ccgaggtgac tcacgagttt 780

tacgtcagaa agggtggagc tagaaagagg cccgccccca atgacgcaga tataagtgag 840

cccaagcggg cctgtccgtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agctccggtg 900

gactacgcgg acagattggc tagaggacaa cctctctga 939

<210> 76

<211> 1197

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 76

atggagctgg tcgggtggct ggtggaccgc gggatcacgt cagaaaagca atggatccag 60

gaggaccagg cgtcctacat ctccttcaac gccgcctcca actcgcggtc acaaatcaag 120

gccgcgctgg acaatgcctc caaaatcatg agcctgacaa agacggctcc ggactacctg 180

gtgggccaga acccgccgga ggacatttcc agcaaccgca tctaccgaat cctcgagatg 240

aacgggtacg atccgcagta cgcggcctcc gtcttcctgg gctgggcgca aaagaagttc 300

gggaagagga acaccatctg gctctttggg ccggccacga cgggtaaaac caacatcgcg 360

gaagccatcg cccacgccgt gcccttctac ggctgcgtga actggaccaa tgagaacttt 420

ccgttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc 480

aaggtcgtag agagcgccaa ggccatcctg ggcggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 540

tgcaagtcat cggcccagat cgacccaact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 600

tgcgcggtca tcgacggaaa ctcgaccacc ttcgagcacc aacaaccact ccaggaccgg 660

atgttcaagt tcgagctcac caagcgcctg gagcacgact ttggcaaggt caccaagcag 720

gaagtcaaag actttttccg gtgggcgtca gatcacgtga ccgaggtgac tcacgagttt 780

tacgtcagaa agggtggagc tagaaagagg cccgccccca atgacgcaga tataagtgag 840

cccaagcggg cctgtccgtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agctccggtg 900

gactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggtatgaa tctgatgctt 960

tttccctgcc ggcaatgcga gagaatgaat cagaatgtgg acatttgctt cacgcacggg 1020

gtcatggact gtgccgagtg cttccccgtg tcagaatctc aacccgtgtc tgtcgtcaga 1080

aagcggacgt atcagaaact gtgtccgatt catcacatca tggggagggc gcccgaggtg 1140

gcctgctcgg cctgcgaact ggccaatgtg gacttggatg actgtgacat ggaacaa 1197

<210> 77

<211> 245

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 77

ctccatcatc taggtttgcc cactgacgtc aatgtgacgt cctagggtta gggaggtccc 60

tgtattagca gtcacgtgag tgtcgtattt cgcggagcgt agcggagcgc ataccaagct 120

gccacgtcac agccacgtgg tccgtttgcg acagtttgcg acaccatgtg gtcaggaggg 180

tatataaccg cgagtgagcc agcgaggagc tccattttgc ccgcgaattt tgaacgagca 240

gcagc 245

<210> 78

<211> 313

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> MOD_RES

<222> (313)..(313)

<223> Any amino acid

<400> 78

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

20 25 30

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn

50 55 60

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

85 90 95

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

145 150 155 160

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

180 185 190

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

210 215 220

Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala

260 265 270

Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

275 280 285

Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp

290 295 300

Arg Leu Ala Arg Gly Gln Pro Leu Xaa

305 310

<210> 79

<211> 399

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 79

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

20 25 30

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn

50 55 60

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

85 90 95

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

145 150 155 160

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

180 185 190

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

210 215 220

Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala

260 265 270

Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

275 280 285

Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp

290 295 300

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu

305 310 315 320

Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys

325 330 335

Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu

340 345 350

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys

355 360 365

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala

370 375 380

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln

385 390 395

<210> 80

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 80

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu

85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110
Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn
275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540

Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys
545 550 555 560
Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu
565 570 575
Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys

580 585 590

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln

610 615 620

<210> 81

<211> 537

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> MOD_RES

<222> (537)..(537)

<223> Any amino acid

<400> 81

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu

85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn
275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Leu Ala Arg Gly Gln Pro Leu Xaa
530 535
<210> 82
<211> 623
<212> PRT
<213
> Adeno-associated virus 4
<400> 82
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu
50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu
85 90 95
Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110
Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn
275 280 285
Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510

Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys
545 550 555 560

Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu

565 570 575

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys

580 585 590

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln

610 615 620

<210> 83

<211> 544

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 83

Met Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val

1 5 10 15

Glu Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp

20 25 30

His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr

35 40 45

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu

50 55 60

Gly Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp

65 70 75 80

Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

85 90 95

Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met

100 105 110

Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn

115 120 125

Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe

130 135 140

Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
145 150 155 160
Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
165 170 175
Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp
180 185 190
Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

195 200 205
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe
210 215 220
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
225 230 235 240
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr
245 250 255
Thr Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro

260 265 270
Thr Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile
275 280 285
Lys Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
290 295 300
Ala Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu
305 310 315 320
Asp Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala

325 330 335
Gly Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly
340 345 350
Pro Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe
355 360 365
Thr Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met
370 375 380
Trp Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr

385 390 395 400

Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln

405 410 415

Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

420 425 430

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

435 440 445

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

450 455 460

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr

465 470 475 480

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln

485 490 495

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

500 505 510

Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys

515 520 525

Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

530 535 540

<210> 84

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 84

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn

370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu

435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn

450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr

485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575
Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700
Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720
Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 85
<211> 598
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 85
Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro
1 5 10 15
Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys
20 25 30
Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu

35 40 45

Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala

50 55 60

Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly

65 70 75 80

Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His

85 90 95

Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn

100 105 110

His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn

115 120 125

Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys

130 135 140

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly

145 150 155 160

Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys

165 170 175

Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr

180 185 190

Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val

195 200 205

Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val

210 215 220

Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr

225 230 235 240

Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

245 250 255

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser

260 265 270

Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

275 280 285

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln

290 295 300

Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn

305 310 315 320

Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp

325 330 335

Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn

340 345 350

Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr

355 360 365

Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly

370 375 380

Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser

385 390 395 400

Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val

405 410 415

Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn

420 425 430

Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser

435 440 445

Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val

450 455 460

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile

465 470 475 480

Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu

485 490 495

Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys

500 505 510

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro

515 520 525

Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln

530 535 540

Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

545 550 555 560

Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala

565 570 575

Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg

580 585 590

Tyr Leu Thr His His Leu

595

<210> 86

<211> 129

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 86

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctgcggcca gaggccggca 60

gtctggagac ctttggtgtc cagggcaggg ccgagtgagt gagcgagcgc gcatagaggg 120

agtggccaa 129

<210> 87

<211> 125

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 87

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctggagacc aaaggtctcc 60

agactgccgg cctctggccg gcagggccga gtgagtgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaa 125

<210> 88

<211> 4768

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (3009)..(3009)

<223> a, c, t or g

<400> 88

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctggagacc aaaggtctcc 60

agactgccgg cctctggccg gcagggccga gtgagtgagc gagcgcgcat agagggagtg 120
gccaactcca tcatctaggt ttgcccactg acgtcaatgt gacgtcctag ggttagggag 180
gtccctgtat tagcagtcac gtgagtgtcg tatttcgcgg agcgtagcgg agcgcatacc 240
aagctgccac gtcacagcca cgtggtccgt ttgcgacagt ttgcgacacc atgtggtcag 300
gagggtatat aaccgcgagt gagccagcga ggagctccat tttgcccgcg aattttgaac 360
gagcagcagc catgccgggg ttctacgaga tcgtgctgaa ggtgcccagc gacctggacg 420
agcacctgcc cggcatttct gactcttttg tgagctgggt ggccgagaag gaatgggagc 480

tgccgccgga ttctgacatg gacttgaatc tgattgagca ggcacccctg accgtggccg 540
aaaagctgca acgcgagttc ctggtcgagt ggcgccgcgt gagtaaggcc ccggaggccc 600
tcttctttgt ccagttcgag aagggggaca gctacttcca cctgcacatc ctggtggaga 660
ccgtgggcgt caaatccatg gtggtgggcc gctacgtgag ccagattaaa gagaagctgg 720
tgacccgcat ctaccgcggg gtcgagccgc agcttccgaa ctggttcgcg gtgaccaaga 780
cgcgtaatgg cgccggaggc gggaacaagg tggtggacga ctgctacatc cccaactacc 840
tgctccccaa gacccagccc gagctccagt gggcgtggac taacatggac cagtatataa 900

gcgcctgttt gaatctcgcg gagcgtaaac ggctggtggc gcagcatctg acgcacgtgt 960
cgcagacgca ggagcagaac aaggaaaacc agaaccccaa ttctgacgcg ccggtcatca 1020
ggtcaaaaac ctccgccagg tacatggagc tggtcgggtg gctggtggac cgcgggatca 1080
cgtcagaaaa gcaatggatc caggaggacc aggcgtccta catctccttc aacgccgcct 1140
ccaactcgcg gtcacaaatc aaggccgcgc tggacaatgc ctccaaaatc atgagcctga 1200
caaagacggc tccggactac ctggtgggcc agaacccgcc ggaggacatt tccagcaacc 1260
gcatctaccg aatcctcgag atgaacgggt acgatccgca gtacgcggcc tccgtcttcc 1320

tgggctgggc gcaaaagaag ttcgggaaga ggaacaccat ctggctcttt gggccggcca 1380
cgacgggtaa aaccaacatc gcggaagcca tcgcccacgc cgtgcccttc tacggctgcg 1440
tgaactggac caatgagaac tttccgttca acgattgcgt cgacaagatg gtgatctggt 1500
gggaggaggg caagatgacg gccaaggtcg tagagagcgc caaggccatc ctgggcggaa 1560
gcaaggtgcg cgtggaccaa aagtgcaagt catcggccca gatcgaccca actcccgtga 1620
tcgtcacctc caacaccaac atgtgcgcgg tcatcgacgg aaactcgacc accttcgagc 1680
accaacaacc actccaggac cggatgttca agttcgagct caccaagcgc ctggagcacg 1740

actttggcaa ggtcaccaag caggaagtca aagacttttt ccggtgggcg tcagatcacg 1800
tgaccgaggt gactcacgag ttttacgtca gaaagggtgg agctagaaag aggcccgccc 1860
ccaatgacgc agatataagt gagcccaagc gggcctgtcc gtcagttgcg cagccatcga 1920
cgtcagacgc ggaagctccg gtggactacg cggacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc 1980
acgtgggtat gaatctgatg ctttttccct gccggcaatg cgagagaatg aatcagaatg 2040
tggacatttg cttcacgcac ggggtcatgg actgtgccga gtgcttcccc gtgtcagaat 2100
ctcaacccgt gtctgtcgtc agaaagcgga cgtatcagaa actgtgtccg attcatcaca 2160

tcatggggag ggcgcccgag gtggcctgct cggcctgcga actggccaat gtggacttgg 2220
atgactgtga catggaacaa taaatgactc aaaccagata tgactgacgg ttaccttcca 2280
gattggctag aggacaacct ctctgaaggc gttcgagagt ggtgggcgct gcaacctgga 2340
gcccctaaac ccaaggcaaa tcaacaacat caggacaacg ctcggggtct tgtgcttccg 2400
ggttacaaat acctcggacc cggcaacgga ctcgacaagg gggaacccgt caacgcagcg 2460
gacgcggcag ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc agctcaaggc cggtgacaac 2520
ccctacctca agtacaacca cgccgacgcg gagttccagc agcggcttca gggcgacaca 2580

ccgtttgggg gcaacctcgg cagagcagtc ttccaggcca aaaagagggt tcttgaacct 2640
cttggtctgg ttgagcaagc gggtgagacg gctcctggaa agaagagacc gttgattgaa 2700
tccccccagc agcccgactc ctccacgggt atcggcaaaa aaggcaagca gccggctaaa 2760
aagaagctcg ttttcgaaga cgaaactgga gcaggcgacg gaccccctga gggatcaact 2820
tccggagcca tgtctgatga cagtgagatg cgtgcagcag ctggcggagc tgcagtcgag 2880
ggsggacaag gtgccgatgg agtgggtaat gcctcgggtg attggcattg cgattccacc 2940
tggtctgagg gccacgtcac gaccaccagc accagaacct gggtcttgcc cacctacaac 3000

aaccacctnt acaagcgact cggagagagc ctgcagtcca acacctacaa cggattctcc 3060
acccccctggg gatactttga cttcaaccgc ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 3120
cagcgactca tcaacaacaa ctggggcatg cgacccaaag ccatgcgggt caaaatcttc 3180
aacatccagg tcaaggaggt cacgacgtcg aacggcgaga caacggtggc taataacctt 3240
accagcacgg ttcagatctt tgcggactcg tcgtacgaac tgccgtacgt gatggatgcg 3300
ggtcaagagg gcagcctgcc tccttttccc aacgacgtct ttatggtgcc ccagtacggc 3360
tactgtggac tggtgaccgg caacacttcg cagcaacaga ctgacagaaa tgccttctac 3420

tgcctggagt actttccttc gcagatgctg cggactggca acaactttga aattacgtac 3480
agttttgaga aggtgccttt ccactcgatg tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg 3540
atgaaccctc tcatcgacca gtacctgtgg ggactgcaat cgaccaccac cggaaccacc 3600

ctgaatgccg ggactgccac caccaacttt accaagctgc ggcctaccaa cttttccaac 3660

tttaaaaaga actggctgcc cgggccttca atcaagcagc agggcttctc aaagactgcc 3720

aatcaaaact acaagatccc tgccaccggg tcagacagtc tcatcaaata cgagacgcac 3780

agcactctgg acggaagatg gagtgccctg acccccggac ctccaatggc cacggctgga 3840

cctgcggaca gcaagttcag caacagccag ctcatctttg cggggcctaa acagaacggc 3900

aacacggcca ccgtacccgg gactctgatc ttcacctctg aggaggagct ggcagccacc 3960

aacgccaccg atacggacat gtggggcaac ctacctggcg gtgaccagag caacagcaac 4020

ctgccgaccg tggacagact gacagccttg ggagccgtgc ctggaatggt ctggcaaaac 4080

agagacattt actaccaggg tcccatttgg gccaagattc ctcataccga tggacacttt 4140

cacccctcac cgctgattgg tgggtttggg ctgaaacacc cgcctcctca aatttttatc 4200

aagaacaccc cggtacctgc gaatcctgca acgaccttca gctctactcc ggtaaactcc 4260

ttcattactc agtacagcac tggccaggtg tcggtgcaga ttgactggga gatccagaag 4320

gagcggtcca aacgctggaa ccccgaggtc cagtttacct ccaactacgg acagcaaaac 4380

tctctgttgt gggctcccga tgcggctggg aaatacactg agcctagggc tatcggtacc 4440

cgctacctca cccaccacct gtaataacct gttaatcaat aaaccggttt attcgtttca 4500

gttgaacttt ggtctccgtg tccttcttat cttatctcgt ttccatggct actgcgtaca 4560

taagcagcgg cctgcggcgc ttgcgcttcg cggtttacaa ctgccggtta atcagtaact 4620

tctggcaaac catgatgatg gagttggcca ctccctctat gcgcgctcgc tcactcactc 4680

ggccctggag accaaaggtc tccagactgc cggcctctgg ccggcagggc cgagtgagtg 4740

agcgagcgcg catagaggga gtggccaa 4768

<210> 89

<211> 3098

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 89

Gly Ala Ala Thr Thr Cys Gly Cys Cys Cys Thr Thr Thr Cys Thr Ala

1 5 10 15

Cys Gly Gly Cys Thr Gly Cys Gly Thr Cys Ala Ala Cys Thr Gly Gly

20 25 30

Ala Cys Cys Ala Ala Thr Gly Ala Gly Ala Ala Cys Thr Thr Thr Cys

35 40 45

Cys Cys Thr Thr Cys Ala Ala Cys Gly Ala Thr Thr Gly Cys Gly Thr

50 55 60

Cys Gly Ala Cys Ala Ala Gly Ala Thr Gly Gly Thr Gly Ala Thr Cys

65 70 75 80

Thr Gly Gly Thr Gly Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Gly Cys Ala

85 90 95

Ala Gly Ala Thr Gly Ala Cys Gly Gly Cys Cys Ala Ala Gly Gly Thr

100 105 110

Cys Gly Thr Gly Gly Ala Gly Thr Cys Cys Gly Cys Cys Ala Ala Gly

115 120 125

Gly Cys Cys Ala Thr Thr Cys Thr Cys Gly Gly Cys Gly Gly Cys Ala

130 135 140

Gly Cys Ala Ala Gly Gly Thr Gly Cys Gly Cys Gly Thr Gly Gly Ala

145 150 155 160

Cys Cys Ala Ala Ala Ala Gly Thr Gly Cys Ala Ala Gly Thr Cys Thr

165 170 175

Thr Cys Cys Gly Cys Cys Cys Ala Gly Ala Thr Cys Gly Ala Thr Cys

180 185 190

Cys Cys Ala Cys Cys Cys Cys Cys Gly Thr Gly Ala Thr Cys Gly Thr

195 200 205

Cys Ala Cys Thr Thr Cys Cys Ala Ala Cys Ala Cys Cys Ala Ala Cys

210 215 220

Ala Thr Gly Thr Gly Cys Gly Cys Thr Gly Thr Gly Ala Thr Thr Gly

225 230 235 240

Ala Cys Gly Gly Gly Ala Ala Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys Ala Cys

245 250 255

Cys Thr Thr Cys Gly Ala Gly Cys Ala Cys Cys Ala Gly Cys Ala Gly

260 265 270

Cys Cys Gly Thr Thr Ala Cys Ala Ala Gly Ala Cys Cys Gly Gly Ala

275 280 285

Thr Gly Thr Thr Cys Ala Ala Ala Thr Thr Thr Gly Ala Ala Cys Thr

290 295 300

Cys Ala Cys Cys Cys Gly Cys Cys Gly Thr Cys Thr Gly Gly Ala Gly

305 310 315 320

Cys Ala Cys Gly Ala Cys Thr Thr Thr Gly Gly Cys Ala Ala Gly Gly

325 330 335

Thr Gly Ala Cys Ala Ala Ala Gly Cys Ala Gly Gly Ala Ala Gly Thr

340 345 350

Cys Ala Ala Ala Gly Ala Gly Thr Thr Cys Thr Thr Cys Cys Gly Cys

355 360 365

Thr Gly Gly Gly Cys Gly Cys Ala Gly Gly Ala Thr Cys Ala Cys Gly

370 375 380

Thr Gly Ala Cys Cys Gly Ala Gly Gly Thr Gly Gly Cys Gly Cys Ala

385 390 395 400

Thr Gly Ala Gly Thr Thr Cys Thr Ala Cys Gly Thr Cys Ala Gly Ala

405 410 415

Ala Ala Gly Gly Gly Thr Gly Gly Ala Gly Cys Cys Ala Ala Cys Ala

420 425 430

Ala Gly Ala Gly Ala Cys Cys Cys Gly Cys Cys Cys Cys Cys Gly Ala

435 440 445

Thr Gly Ala Cys Gly Cys Gly Gly Ala Thr Ala Ala Ala Ala Gly Cys

450 455 460

Gly Ala Gly Cys Cys Cys Ala Ala Gly Cys Gly Gly Gly Cys Cys Thr

465 470 475 480

Gly Cys Cys Cys Cys Thr Cys Ala Gly Thr Cys Gly Cys Gly Gly Ala

485 490 495

Thr Cys Cys Ala Thr Cys Gly Ala Cys Gly Thr Cys Ala Gly Ala Cys

500 505 510

Gly Cys Gly Gly Ala Ala Gly Gly Ala Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly

515 520 525

Thr Gly Gly Ala Cys Thr Thr Thr Gly Cys Cys Gly Ala Cys Ala Gly

530 535 540

Gly Thr Ala Cys Cys Ala Ala Ala Ala Cys Ala Ala Ala Thr Gly Thr

545 550 555 560

Thr Cys Thr Cys Gly Thr Cys Ala Cys Gly Cys Gly Gly Gly Cys Ala

565 570 575

Thr Gly Cys Thr Thr Cys Ala Gly Ala Thr Gly Cys Thr Gly Thr Thr

580 585 590

Thr Cys Cys Cys Thr Gly Cys Ala Ala Gly Ala Cys Ala Thr Gly Cys

595 600 605

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Ala Thr Gly Ala Ala Thr Cys Ala Gly Ala

610 615 620

Ala Thr Thr Thr Cys Ala Ala Cys Ala Thr Thr Thr Gly Cys Thr Thr

625 630 635 640

Cys Ala Cys Gly Cys Ala Cys Gly Gly Gly Ala Cys Cys Ala Gly Ala

645 650 655

Gly Ala Cys Thr Gly Thr Thr Cys Ala Gly Ala Ala Thr Gly Thr Thr

660 665 670

Thr Cys Cys Cys Cys Gly Gly Cys Gly Thr Gly Thr Cys Ala Gly Ala

675 680 685

Ala Thr Cys Thr Cys Ala Ala Cys Cys Gly Gly Thr Cys Gly Thr Cys

690 695 700

Ala Gly Ala Ala Ala Gly Ala Gly Gly Ala Cys Gly Thr Ala Thr Cys

705 710 715 720

Gly Gly Ala Ala Ala Cys Thr Cys Thr Gly Thr Gly Cys Cys Ala Thr

725 730 735

Thr Cys Ala Thr Cys Ala Thr Cys Thr Gly Cys Thr Gly Gly Gly Gly

740 745 750

Cys Gly Gly Gly Cys Thr Cys Cys Cys Gly Ala Gly Ala Thr Thr Gly

755 760 765

Cys Thr Thr Gly Cys Thr Cys Gly Gly Cys Cys Thr Gly Cys Gly Ala

770 775 780

Thr Cys Thr Gly Gly Thr Cys Ala Ala Cys Gly Thr Gly Gly Ala Cys

785 790 795 800

Cys Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ala Cys Cys Gly Thr Gly Thr Thr Thr

805 810 815

Cys Thr Gly Ala Gly Cys Ala Ala Thr Ala Ala Ala Thr Gly Ala Cys

820 825 830

Thr Thr Ala Ala Ala Cys Cys Ala Gly Gly Thr Ala Thr Gly Gly Cys

835 840 845

Thr Gly Cys Cys Gly Ala Thr Gly Gly Thr Thr Ala Thr Cys Thr Thr

850 855 860

Cys Cys Ala Gly Ala Thr Thr Gly Gly Cys Thr Cys Gly Ala Gly Gly

865 870 875 880

Ala Cys Ala Ala Cys Cys Thr Cys Thr Cys Thr Gly Ala Gly Gly Gly

885 890 895

Cys Ala Thr Thr Cys Gly Cys Gly Ala Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly

900 905 910

Gly Ala Cys Thr Thr Gly Ala Ala Ala Cys Cys Thr Gly Gly Ala Gly

915 920 925

Cys Cys Cys Cys Gly Ala Ala Ala Cys Cys Cys Ala Ala Ala Gly Cys

930 935 940

Cys Ala Ala Cys Cys Ala Gly Cys Ala Ala Ala Ala Gly Cys Ala Gly

945 950 955 960

Gly Ala Cys Gly Ala Cys Gly Gly Cys Cys Gly Gly Gly Gly Thr Cys

965 970 975

Thr Gly Gly Thr Gly Cys Thr Thr Cys Cys Thr Gly Gly Cys Thr Ala

980 985 990

Cys Ala Ala Gly Thr Ala Cys Cys Thr Cys Gly Gly Ala Cys Cys Cys

995 1000 1005

Thr Thr Cys Ala Ala Cys Gly Gly Ala Cys Thr Cys Gly Ala Cys

1010 1015 1020

Ala Ala Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Gly Gly Thr Cys

1025 1030 1035

Ala Ala Cys Gly Ala Gly Gly Cys Ala Gly Ala Cys Gly Cys Cys

1040 1045 1050

Gly Cys Gly Gly Cys Cys Cys Thr Cys Gly Ala Gly Cys Ala Cys

1055 1060 1065

Gly Ala Cys Ala Ala Gly Gly Cys Cys Thr Ala Cys Gly Ala Cys

1070 1075 1080

Ala Ala Gly Cys Ala Gly Cys Thr Cys Gly Ala Gly Cys Ala Gly

1085 1090 1095

Gly Gly Gly Gly Ala Cys Ala Ala Cys Cys Cys Gly Thr Ala Cys

1100 1105 1110

Cys Thr Cys Ala Ala Gly Thr Ala Cys Ala Ala Cys Cys Ala Cys

1115 1120 1125

Gly Cys Cys Gly Ala Cys Gly Cys Cys Gly Ala Gly Thr Thr Thr

1130 1135 1140

Cys Ala Gly Gly Ala Gly Cys Gly Thr Cys Thr Thr Cys Ala Ala

1145 1150 1155

Gly Ala Ala Gly Ala Thr Ala Cys Gly Thr Cys Thr Thr Thr Thr

1160 1165 1170

Gly Gly Gly Gly Gly Cys Ala Ala Cys Cys Thr Cys Gly Gly Gly

1175 1180 1185

Cys Gly Ala Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr Thr Cys Cys Ala Gly

1190 1195 1200

Gly Cys Cys Ala Ala Gly Ala Ala Gly Cys Gly Gly Gly Thr Thr

1205 1210 1215

Cys Thr Cys Gly Ala Ala Cys Cys Thr Cys Thr Cys Gly Gly Thr

1220 1225 1230

Cys Thr Gly Gly Thr Thr Gly Ala Gly Gly Ala Ala Gly Gly Cys

1235 1240 1245

Gly Cys Thr Ala Ala Gly Ala Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Thr

1250 1255 1260

Gly Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Ala Gly Ala Cys Cys Cys

1265 1270 1275

Ala Thr Ala Gly Ala Ala Thr Cys Cys Cys Cys Cys Gly Ala Cys

1280 1285 1290

Thr Cys Cys Thr Cys Cys Ala Cys Gly Gly Gly Cys Ala Thr Cys

1295 1300 1305

Gly Gly Cys Ala Ala Gly Ala Ala Ala Gly Gly Cys Cys Ala Gly

1310 1315 1320

Cys Ala Gly Cys Cys Cys Gly Cys Thr Ala Ala Ala Ala Ala Gly

1325 1330 1335

Ala Ala Gly Cys Thr Cys Ala Ala Cys Thr Thr Thr Gly Gly Gly

1340 1345 1350

Cys Ala Gly Ala Cys Thr Gly Gly Cys Gly Ala Cys Thr Cys Ala

1355 1360 1365

Gly Ala Gly Thr Cys Ala Gly Thr Gly Cys Cys Cys Gly Ala Cys

1370 1375 1380

Cys Cys Cys Cys Ala Ala Cys Cys Thr Cys Thr Cys Gly Gly Ala

1385 1390 1395

Gly Ala Ala Cys Cys Thr Cys Cys Cys Gly Cys Cys Gly Cys Gly

1400 1405 1410

Cys Cys Cys Thr Cys Ala Gly Gly Thr Cys Thr Gly Gly Gly Ala

1415 1420 1425

Thr Cys Thr Gly Gly Thr Ala Cys Ala Ala Thr Gly Gly Cys Thr

1430 1435 1440

Gly Cys Ala Gly Gly Cys Gly Gly Thr Gly Gly Cys Gly Cys Ala

1445 1450 1455

Cys Cys Ala Ala Thr Gly Gly Cys Ala Gly Ala Cys Ala Ala Thr

1460 1465 1470

Ala Ala Cys Gly Ala Ala Gly Gly Cys Gly Cys Cys Gly Ala Cys

1475 1480 1485

Gly Gly Ala Gly Thr Gly Gly Gly Thr Ala Ala Thr Gly Cys Cys

1490 1495 1500

Thr Cys Cys Gly Gly Ala Ala Ala Thr Thr Gly Gly Cys Ala Thr

1505 1510 1515

Thr Gly Cys Gly Ala Thr Thr Cys Cys Ala Cys Ala Thr Gly Gly

1520 1525 1530

Cys Thr Gly Gly Gly Cys Gly Ala Cys Ala Gly Ala Gly Thr Cys

1535 1540 1545

Ala Thr Cys Ala Cys Cys Ala Cys Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys

1550 1555 1560

Cys Gly Cys Ala Cys Cys Thr Gly Gly Gly Cys Cys Cys Thr Gly

1565 1570 1575

Cys Cys Cys Ala Cys Cys Thr Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys

1580 1585 1590

Cys Ala Cys Cys Thr Cys Thr Ala Cys Ala Ala Gly Cys Ala Gly

1595 1600 1605

Ala Thr Ala Thr Cys Ala Ala Gly Thr Cys Ala Gly Ala Gly Cys

1610 1615 1620

Gly Gly Gly Gly Cys Thr Ala Cys Cys Ala Ala Cys Gly Ala Cys

1625 1630 1635

Ala Ala Cys Cys Ala Cys Thr Thr Cys Thr Thr Cys Gly Gly Cys

1640 1645 1650

Thr Ala Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys Cys Cys Cys Thr Gly Gly

1655 1660 1665

Gly Gly Cys Thr Ala Thr Thr Thr Thr Gly Ala Cys Thr Thr Cys

1670 1675 1680

Ala Ala Cys Ala Gly Ala Thr Thr Cys Cys Ala Cys Thr Gly Cys

1685 1690 1695

Cys Ala Cys Thr Thr Cys Thr Cys Ala Cys Cys Ala Cys Gly Thr

1700 1705 1710

Gly Ala Cys Thr Gly Gly Cys Ala Gly Cys Gly Ala Cys Thr Cys

1715 1720 1725

Ala Thr Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Thr Gly Gly

1730 1735 1740

Gly Gly Ala Thr Thr Cys Cys Gly Gly Cys Cys Cys Ala Gly Ala

1745 1750 1755

Ala Ala Gly Cys Thr Gly Cys Gly Gly Thr Thr Cys Ala Ala Gly

1760 1765 1770

Thr Thr Gly Thr Thr Cys Ala Ala Cys Ala Thr Cys Cys Ala Gly

1775 1780 1785

Gly Thr Cys Ala Ala Gly Gly Ala Gly Gly Thr Cys Ala Cys Gly

1790 1795 1800

Ala Cys Gly Ala Ala Cys Gly Ala Cys Gly Gly Cys Gly Thr Thr

1805 1810 1815

Ala Cys Gly Ala Cys Cys Ala Thr Cys Gly Cys Thr Ala Ala Thr

1820 1825 1830

Ala Ala Cys Cys Thr Thr Ala Cys Cys Ala Gly Cys Ala Cys Gly

1835 1840 1845

Ala Thr Thr Cys Ala Gly Gly Thr Cys Thr Thr Cys Thr Cys Gly

1850 1855 1860

Gly Ala Cys Thr Cys Gly Gly Ala Gly Thr Ala Cys Cys Ala Ala

1865 1870 1875

Cys Thr Gly Cys Cys Gly Thr Ala Cys Gly Thr Cys Cys Thr Cys

1880 1885 1890

Gly Gly Cys Thr Cys Thr Gly Cys Gly Cys Ala Cys Cys Ala Gly

1895 1900 1905

Gly Gly Cys Thr Gly Cys Cys Thr Cys Cys Cys Thr Cys Cys Gly

1910 1915 1920

Thr Thr Cys Cys Cys Thr Gly Cys Gly Gly Ala Cys Gly Thr Gly

1925 1930 1935

Thr Thr Cys Ala Thr Gly Ala Thr Thr Cys Cys Thr Cys Ala Gly

1940 1945 1950

Thr Ala Cys Gly Gly Ala Thr Ala Thr Cys Thr Gly Ala Cys Thr

1955 1960 1965

Cys Thr Ala Ala Ala Cys Ala Ala Cys Gly Gly Cys Ala Gly Thr

1970 1975 1980

Cys Ala Gly Thr Cys Thr Gly Thr Gly Gly Gly Ala Cys Gly Thr

1985 1990 1995

Thr Cys Cys Thr Cys Cys Thr Thr Cys Thr Ala Cys Thr Gly Cys

2000 2005 2010

Cys Thr Gly Gly Ala Gly Thr Ala Cys Thr Thr Thr Cys Cys Thr

2015 2020 2025

Thr Cys Thr Cys Ala Gly Ala Thr Gly Cys Thr Gly Ala Gly Ala

2030 2035 2040

Ala Cys Gly Gly Gly Cys Ala Ala Thr Ala Ala Cys Thr Thr Thr

2045 2050 2055

Gly Ala Ala Thr Thr Cys Ala Gly Cys Thr Ala Cys Ala Cys Cys

2060 2065 2070

Thr Thr Thr Gly Ala Gly Gly Ala Ala Gly Thr Gly Cys Cys Thr

2075 2080 2085

Thr Thr Cys Cys Ala Cys Ala Gly Cys Ala Gly Cys Thr Ala Thr

2090 2095 2100

Gly Cys Gly Cys Ala Cys Ala Gly Cys Cys Ala Gly Ala Gly Cys

2105 2110 2115

Cys Thr Gly Gly Ala Cys Cys Gly Gly Cys Thr Gly Ala Thr Gly

2120 2125 2130

Ala Ala Thr Cys Cys Cys Cys Thr Cys Ala Thr Cys Gly Ala Cys

2135 2140 2145

Cys Ala Gly Thr Ala Cys Cys Thr Gly Thr Ala Cys Thr Ala Cys

2150 2155 2160

Cys Thr Gly Gly Cys Cys Cys Gly Gly Ala Cys Cys Cys Ala Gly

2165 2170 2175

Ala Gly Cys Ala Cys Thr Ala Cys Gly Gly Gly Gly Thr Cys Cys

2180 2185 2190

Ala Cys Ala Ala Gly Gly Gly Ala Gly Cys Thr Gly Cys Ala Gly

2195 2200 2205

Thr Thr Cys Cys Ala Thr Cys Ala Gly Gly Cys Thr Gly Gly Gly

2210 2215 2220

Cys Cys Cys Ala Ala Cys Ala Cys Cys Ala Thr Gly Gly Cys Cys

2225 2230 2235

Gly Ala Gly Cys Ala Ala Thr Cys Ala Ala Ala Gly Ala Ala Cys

2240 2245 2250

Thr Gly Gly Cys Thr Gly Cys Cys Cys Gly Gly Ala Cys Cys Cys

2255 2260 2265

Thr Gly Thr Thr Ala Thr Cys Gly Gly Cys Ala Gly Cys Ala Gly

2270 2275 2280

Ala Gly Ala Cys Thr Gly Thr Cys Ala Ala Ala Ala Ala Ala Cys

2285 2290 2295

Ala Thr Ala Gly Ala Cys Ala Gly Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys

2300 2305 2310

Ala Ala Cys Ala Gly Thr Ala Ala Cys Thr Thr Thr Gly Cys Cys

2315 2320 2325

Thr Gly Gly Ala Cys Cys Gly Gly Gly Gly Cys Cys Ala Cys Thr

2330 2335 2340

Ala Ala Ala Thr Ala Cys Cys Ala Thr Cys Thr Gly Ala Ala Thr

2345 2350 2355

Gly Gly Thr Ala Gly Ala Ala Ala Thr Thr Cys Ala Thr Thr Ala

2360 2365 2370

Ala Cys Cys Ala Ala Cys Cys Cys Gly Gly Gly Cys Gly Thr Ala

2375 2380 2385

Gly Cys Cys Ala Thr Gly Gly Cys Cys Ala Cys Cys Ala Ala Cys

2390 2395 2400

Ala Ala Gly Gly Ala Cys Gly Ala Cys Gly Ala Gly Gly Ala Cys

2405 2410 2415

Cys Ala Gly Thr Thr Cys Thr Thr Thr Cys Cys Cys Ala Thr Cys

2420 2425 2430

Ala Ala Cys Gly Gly Ala Gly Thr Gly Cys Thr Gly Gly Thr Thr

2435 2440 2445

Thr Thr Thr Gly Gly Cys Gly Ala Ala Ala Cys Gly Gly Gly Gly

2450 2455 2460

Gly Cys Thr Gly Cys Cys Ala Ala Cys Ala Ala Gly Ala Cys Ala

2465 2470 2475

Ala Cys Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala Ala Ala Cys Gly Thr Gly

2480 2485 2490

Cys Thr Ala Ala Thr Gly Ala Cys Cys Ala Gly Cys Gly Ala Gly

2495 2500 2505

Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Thr Cys Ala Ala Ala Ala Cys Cys

2510 2515 2520

Ala Cys Cys Ala Ala Thr Cys Cys Cys Gly Thr Gly Gly Cys Thr

2525 2530 2535

Ala Cys Ala Gly Ala Ala Gly Ala Ala Thr Ala Cys Gly Gly Thr

2540 2545 2550

Gly Thr Gly Gly Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly Cys Ala Ala Cys

2555 2560 2565

Cys Thr Gly Cys Ala Ala Thr Cys Gly Thr Cys Thr Ala Cys Gly

2570 2575 2580

Gly Cys Cys Gly Gly Ala Cys Cys Cys Cys Ala Gly Ala Cys Ala

2585 2590 2595

Cys Ala Gly Ala Cys Thr Gly Thr Cys Ala Ala Cys Ala Gly Cys

2600 2605 2610

Cys Ala Gly Gly Gly Gly Gly Cys Thr Cys Thr Gly Cys Cys Cys

2615 2620 2625

Gly Gly Cys Ala Thr Gly Gly Thr Cys Thr Gly Gly Cys Ala Gly

2630 2635 2640

Ala Ala Cys Cys Gly Gly Gly Ala Cys Gly Thr Gly Thr Ala Cys

2645 2650 2655

Cys Thr Gly Cys Ala Gly Gly Gly Thr Cys Cys Cys Ala Thr Cys

2660 2665 2670

Thr Gly Gly Gly Cys Cys Ala Ala Ala Ala Thr Thr Cys Cys Thr

2675 2680 2685

Cys Ala Cys Ala Cys Gly Gly Ala Cys Gly Gly Cys Ala Ala Cys

2690 2695 2700

Thr Thr Thr Cys Ala Cys Cys Cys Gly Thr Cys Thr Cys Cys Cys

2705 2710 2715

Cys Thr Gly Ala Thr Gly Gly Gly Cys Gly Gly Ala Thr Thr Thr

2720 2725 2730

Gly Gly Ala Cys Thr Cys Ala Ala Ala Cys Ala Cys Cys Cys Gly

2735 2740 2745

Cys Cys Thr Cys Cys Thr Cys Ala Ala Ala Thr Thr Cys Thr Cys

2750 2755 2760

Ala Thr Cys Ala Ala Ala Ala Ala Cys Ala Cys Cys Cys Cys Gly

2765 2770 2775

Gly Thr Ala Cys Cys Thr Gly Cys Thr Ala Ala Thr Cys Cys Thr

2780 2785 2790

Cys Cys Ala Gly Ala Gly Gly Thr Gly Thr Thr Thr Ala Cys Thr

2795 2800 2805

Cys Cys Thr Gly Cys Cys Ala Ala Gly Thr Thr Thr Gly Cys Cys

2810 2815 2820

Thr Cys Ala Thr Thr Thr Ala Thr Cys Ala Cys Gly Cys Ala Gly

2825 2830 2835

Thr Ala Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys Gly Gly Cys Cys Ala Gly

2840 2845 2850

Gly Thr Cys Ala Gly Cys Gly Thr Gly Gly Ala Gly Ala Thr Cys

2855 2860 2865

Gly Ala Gly Thr Gly Gly Gly Ala Ala Cys Thr Gly Cys Ala Gly

2870 2875 2880

Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala Ala Cys Ala Gly Cys Ala Ala Ala

2885 2890 2895

Cys Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala Thr Cys Cys Ala Gly Ala Gly

2900 2905 2910

Ala Thr Thr Cys Ala Gly Thr Ala Cys Ala Cys Cys Thr Cys Ala

2915 2920 2925

Ala Ala Thr Thr Ala Thr Gly Cys Cys Ala Ala Gly Thr Cys Thr

2930 2935 2940

Ala Ala Thr Ala Ala Thr Gly Thr Gly Gly Ala Ala Thr Thr Thr

2945 2950 2955

Gly Cys Thr Gly Thr Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Gly Ala Ala

2960 2965 2970

Gly Gly Gly Gly Thr Thr Thr Ala Thr Ala Cys Thr Gly Ala Gly

2975 2980 2985

Cys Cys Thr Cys Gly Cys Cys Cys Cys Ala Thr Thr Gly Gly Cys

2990 2995 3000

Ala Cys Cys Cys Gly Thr Thr Ala Cys Cys Thr Cys Ala Cys Cys

3005 3010 3015

Cys Gly Thr Ala Ala Cys Cys Thr Gly Thr Ala Ala Thr Thr Gly

3020 3025 3030

Cys Cys Thr Gly Thr Thr Ala Ala Thr Cys Ala Ala Thr Ala Ala

3035 3040 3045

Ala Cys Cys Gly Gly Thr Thr Ala Ala Thr Thr Cys Gly Thr Thr

3050 3055 3060

Thr Cys Ala Gly Thr Thr Gly Ala Ala Cys Thr Thr Thr Gly Gly

3065 3070 3075

Thr Cys Thr Cys Thr Gly Cys Gly Ala Ala Gly Gly Gly Cys Gly

3080 3085 3090

Ala Ala Thr Thr Cys

3095

<210> 90

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 90

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Glu Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 91

<211> 2495

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 91

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact agaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1320

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1380

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1440

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1680

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac accagtaact ttgcctggac cggggccact 1740

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920

accaatcccg tggctacaga acagtacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 2160

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2400

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttaattcgtt 2460

tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 2495

<210> 92

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 92

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Thr Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 93
<211> 2504
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 93
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180
atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480
aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660
ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780
cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840
gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900
tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960
cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020
ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080
aacagattcc actgccactt ctcatcacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccaagagact caacttcaag ctcttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200
cagaatgaag gcaccaagac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtctttacg 1260
gactcggaat accggctccc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctgcctccg 1320
ttcccggcgg acgtcttcat gattcctcag tacgggtacc tgactctgaa caacggcagt 1380
caggccgtgg gccgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca aatgctgaga 1440
acgggcaaca actttgagtt cagctaccag tttgaggacg tgccttttca cagcagctac 1500
gcgcacagcc aaagcctgga ccggctgatg aaccccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctgtctcgga ctcagtccac gggaggtacc gcaggaactc agcagttgct attttctcag 1620
gccgggccta ataacatgtc ggctcaggcc aaaaactggc tacccgggcc ctgctaccgg 1680
cagcaacgcg tctccacgac actgtcgcaa aataacaaca gcaactttgc ttggaccggt 1740
gccaccaagt atcatctgaa tggcagagac tctctggtaa atcccggtgt cgctatggca 1800
acgcacaagg acgacgaaga gcgatttttt ccatccagcg gagtcttgat gtttgggaaa 1860
cagggagctg gaaaagacaa cgtggactat agcagcgtta tgctaaccag tgaggaagaa 1920
atcaaaacca ccaacccagt ggccacagaa cagtacggcg tggtggccga taacctgcaa 1980

cagcaaaacg ccgctcctat tgtaggggcc gtcaacagtc aaggagcctt acctggcatg 2040
gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcctatct gggccaagat tcctcacacg 2100
gacggcaact ttcatccttc gccgctgatg ggaggctttg gactgaaaca cccgcctcct 2160
cagatcctga ttaagaatac acctgttccc gcggatcctc caactacctt cagtcaagcc 2220

aagccggcgt cgttcatcac gcagtacagc accggacagg tcagcgtgga aattgaatgg 2280

gagctgcaga aagagaacag caagcgctgg aacccagaga ttcagtatac ttccaactac 2340

tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc aatactgagg gtacttattc agagcctcgc 2400

cccattggca cccgttacct cacccgtaac ctgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt 2460

taattcgttt cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 2504

<210> 94

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 94

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Ser Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Arg Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly

435 440 445

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Gln Ala Lys Pro Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg

705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 95

<211> 3128

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 95

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctag ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460

agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940

gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060

ttgcctgtta atcaataaac cggctaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 96

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 96

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 97
<211> 3084
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 97
gaattcgccc tttctacggc tgcatcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300
aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480
gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
aaacgtgcga gaaaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg gtcagagact 660
gctcagaatg tttccccggt gcatcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720
agaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320

atcggcaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380

tcggagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt ccccggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040

tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100

gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160

ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220

actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgtcggctca ggccaagaac 2280

tggctacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340

aacagcaatt ttgcttggac cggtgccacc aagtatcacc tgaatggcag agactccctg 2400

gttaatcccg gcgttgccat ggctacccac aaggacgacg aggagcgctt cttcccgtca 2460

agcggagttc taatgtttgg caagcagggg gctggaaaag acaatgtgga ctacagcagc 2520

gtgatgctca ccagcgaaga agaaattaaa actactaacc cagtggctac agagcagtat 2580

ggtgtggtgg cagacaacct gcagcagacc aacggagctc ccattgtggg aactgtcaac 2640

agccaggggg ccttacctgg tatggtctgg caaaaccggg acgtgtacct gcagggcccc 2700

atctgggcca aaattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctggtgaaaa acactcctgt tcctgcggat 2820

cctccgacca ccttcagcca ggccaagctg gcttctttta tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaatcga atgggagctg cagaaagaaa acagcaagcg ctggaaccca 2940

gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcactcgtt atctcacccg taatctgtaa 3060

ttgcttgtta atcaataaac cggt 3084

<210> 98

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 98

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 99
<211> 3123
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 99
gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60
gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120
aaggccattc tcggcggcag caaggtgcgc gtggaccaaa agtgcaagtc gtccgcccag 180
atcgacccca cccccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240

aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa gttcgaactc 300
acccgccgtc tggagcacga ctttggcaag gtgaccaagc aggaagtcaa agagttcttc 360
cgctgggcgc aggatcacgt gaccgaggtg gcgcatgagt tctacgtcag aaagggcgga 420
gccagcaaaa gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggcctgcccc 480
tcagtcgcgg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cggtggactt tgccgacagg 540
taccaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgctccaga tgctgtttcc ctgcaaaacg 600
tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acggggtcag agactgctca 660

gaatgtttcc ccggtgcatc agaatctcaa ccggtcgtca gaaaaaaaac gtatcagaaa 720
ctgtgtgcca ttcatcatct gctggggcgg gcacccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780
ctggtcaacg tggacctgga cgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat 840
ggctgccgat ggttatcttc cagattggct tgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900

gtggtgggac ctgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960
cggccggggt ctggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020
gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cacgacaagg cctacgacca 1080

gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataac cacgccgacg ccgagtttca 1140
ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200
caagaagcgg gttctcgaac ctctcggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260
aaagaagaga ccggtagagc catcacctca gcgttccccc gactcctcca cgggcatcgg 1320
caagaaaggc caccagcccg cgagaaagag actgaacttt gggcagactg gcgactcgga 1380
gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 1440
tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg 1500

agtgggtagt tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 1560
caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccatctct acaagcaaat 1620
ctccaacggg acatcgggag gaagcactaa cgacaacacc tactttggct acagcacccc 1680
ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 1740
actcatcaac aataactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat 1800
ccaggtcaag gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag 1860
cacgattcag gtgtttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca 1920

ccagggctgc ctccctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtatct 1980
gaccctaaac aatggcagtc aggctgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggaatactt 2040
cccttctcaa atgctgagga cgggcaacaa ctttgaattc agctacacct tcgaggacgt 2100
gcctttccac agcagctacg cgcacagcca gagcctggac cggctgatga accctctcat 2160
cgaccagtac ctgtattact tatccagaac tcagtccaca ggaggaactc aaggtactca 2220
gcaattgtta ttttctcaag ccgggcccgc aaacatgtcg gctcaggcca agaactggct 2280
acctggaccg tgttaccgtc agcaacgagt ttccacgaca ctgtcgcaaa acaacaacag 2340

caattttgct tggaccggtg ccaccaagta tcacctgaat ggcagagact ccctggttaa 2400
tcccggcgtt gccatggcta cccacaagga cgacgaggag cgcttcttcc cgtcaagcgg 2460
agttctaatg tttggcaagc agggggctgg aaaagacaat gtggactaca gcagcgtgat 2520
gctcaccagc gaagaagaaa ttaaaactac taacccagtg gctacagagc agtatggtgt 2580
ggtggcagac aacctgcagc agaccaacgg agctcccatt gtgggaactg tcaacagcca 2640
gggggcctta cctggtatgg tctggcaaaa ccgggacgtg tacctgcagg gccccatctg 2700

ggccaaaatt cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg 2760

actgaaacac ccgcctcctc agatcctggt gaaaaacact cctgttcctg cggatcctcc 2820
gaccaccttc agccaggcca agctggcttc ttttatcacg cagtacagca ccggacaggt 2880
cagcgtggaa atcgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgctgga acccagagat 2940
tcagtatact tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg 3000
tacttattca gagcctcgcc ccattggcac tcgttatctc acccgtaatc tgtaattgct 3060
tgttaatcaa taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa 3120
ttc 3123

<210> 100
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 100
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 101

<211> 3122

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 101

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag cgccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagactggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctcgggcatc 1320
ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440
cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500
ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620
atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tttcaccacg tgactggcaa 1740
cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800

atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860
agcaccgtgc aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920
caccagggat gtctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca cggttcctca gtacggctat 1980
ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttcct ccttctactg tctggagtat 2040
ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatcccctc 2160
atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220

actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280
cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340
aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaatgaat 2400
ccgggcgtgg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460
gtcctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgctg 2520
attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtgg ccacagaaga atatggagca 2580

gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640

ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700
gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc ccctgatggg cggctttgga 2760
ctgaagcacc cgcctcctca aattctcatc aagaacacac cggttccagc ggacccgccg 2820
cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2880
agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940
caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggaagga 3000
gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060

gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120
tc 3122

<210> 102
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 102
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Leu Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 103

<211> 3117

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 103

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc tcggcggcag caaggtgcgt gtggaccaaa agtgcaagtc ttccgcccag 180

atcgatccca cccccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240

aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa atttgaactc 300

acccgccgtc tggagcatga ctttggcaag gtgacgaagc aggaagtcaa agagttcttc 360

cgctgggcgc aggatcacgt gaccgaggtg gcgcatgagt tccacgtcag aaagggtgga 420

gccaacaaga gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggcctgcccc 480

tcagtcgcgg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cggtggactt tgccgacagg 540

taccaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgcttcaga tgctgtttcc ctgcaagaca 600

tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acgggaccag agactgttca 660

gaatgtttcc ccggcgtgtc agaatctcaa ccggtcgtca gaaagaggac gtatcggaaa 720

ctctgtgcga ttcatcatct gctggggcgg gctcccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780

ctggtcaacg tggacctgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat 840

ggctgccgat ggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900
gtggtgggac ttgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960
cggccggggt ctggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020
gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cacgacaaag cctacgacca 1080
gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataat cacgccgacg ccgagtttca 1140
ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200
caagaagcgg gttctcgaac ctctcggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260

aaagaagaga ccggtagagc agtcgccaca agagccagac tcctcctcgg gcatcggcaa 1320
gacaggccag cagcccgcta aaaagagact caattttggt cagactggcg actcagagtc 1380
agtccccgac ccacaacctc tcggagaacc tccagcagcc ccctcaggtc tgggacctaa 1440
tacaatggct tcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt 1500
gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggggaca gagtcatcac 1560
caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcaaatctc 1620
caacggcacc tcgggaggaa gcaccaacga caacacctat tttggctaca gcaccccctg 1680

ggggtatttt gacttcaaca gattccactg tcacttttca ccacgtgact ggcaacgact 1740
catcaacaac aattggggat tccggcccaa aagactcaac ttcaagctgt tcaacatcca 1800
ggtcaaggaa gtcacgacga acgaaggcac caagaccatc gccaataatc tcaccagcac 1860
cgtgcgggtc tttacggact cggagtacca gttaccgtac gtgctaggat ccgctcacca 1920
gggatgtctg cctccgttcc cggcggacgt cttcatggtt cctcagtacg gctatttaac 1980
tttaaacaat ggaagccaag ccctgggacg ttcctccttc tactgtctgg agtatttccc 2040
atcgcagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc tacaccttcg aggacgtgcc 2100

tttccacagc agctacgcgc acagccagag cctggacagg ctgatgaatc ccctcatcga 2160
ccagtacctg tactacctgg tcagaacgca aacgactgga actggaggga cgcagactct 2220
ggcattcagc caagcgggtc ctagctcaat ggccaaccag gctagaaatt gggtgcccgg 2280
accttgctac cggcagcagc gcgtctccac gacaaccaac cagagcaaca acagcaactt 2340
tgcctggacg ggagctgcca agtttaagct gaacggccga gactctctaa tgaatccggg 2400
cgtggcaatg gcttcccaca aggatgacga cgaccgcttc ttcccttcga gcggggtcct 2460
gatttttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtggat tacagccaag tgctgattac 2520

agatgaggaa gaaatcaagg ctaccaaccc cgtggccaca gaagaatatg gagcagtggc 2580

catcaacaac caggccgcca atacgcaggc gcagaccgga ctcgtgcaca accagggggt 2640

gattcccggc atggtgtggc agaatagaga cgtgtacctg cagggtccca tctgggccaa 2700

aattcctcac acggacggca actttcaccc gtctcccctg atgggcggct ttggactgaa 2760

gcacccgcct cctcaaattc tcatcaagaa cacaccggtt ccagcggacc cgccgcttac 2820

cttcaaccag gccaagctga actctttcat cacgcagtac agcaccggac aggtcagcgt 2880

ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaaacgc tggaatccag agattcaata 2940

cacttccaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct gtcaacacgg aaggagttta 3000

tagcgagcct cgccccattg gcacccgtta cctcacccgc aacctgtaat tacatgttaa 3060

tcaataaacc ggttaattcg tttcagttga actttggtct ctgcgaaggg cgaattc 3117

<210> 104

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 104

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Arg Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Ser
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 105

<211> 3121

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 105

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgtgtggac caaaagtgca agtcttccgc 180

ccagatcgat cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggtgacg aagcaggaag tcaaagagtt 360

cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttccacg tcagaaaggg 420

tggcgccaac aagagacccg cccccgatga cgcggatata agcgagccca agcgggcctg 480

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 540

caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600

gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660

ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720

gaaactctgt gcgattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780

cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840
gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900
gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960
acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020
acaaggggga gcccgtcaac gcggcggacg cagcggccct cgagcacgac aaagcctacg 1080
accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taatcacgcc gacgccgagt 1140
ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtcct ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 1200

aggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260
ctggaaagaa gagaccggta gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 1320
gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 1380
agtcagtccc cgacccacaa cctctcggag aacctccagc agccccctca ggtctgggac 1440
ctaatacaat ggcttcaggc ggtggcgctc caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg 1500
gagtgggtaa ttcctcggga aattggcatt gcgattccac atggctgggg gacagagtca 1560
tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcaaa 1620

tctccaacgg cacctcggga ggaagcacca acgacaacac ctattttggc tacagcaccc 1680
cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgtcactt ttcaccacgt gactggcaac 1740
gactcatcaa caacaattgg ggattccggc ccaaaagact caacttcaag ctgttcaaca 1800
tccaggtcaa ggaagtcacg acgaacgaag gcaccaagac catcgccaat aatctcacca 1860
gcaccgtgca ggtctttacg gacttggagt accagttacc gtacgtgcta ggatccgctc 1920
accagggatg tctgcctccg ttcccggcgg acgtcttcat ggttcctcag tacggctatt 1980
taactttaaa caatggaagc caagccctgg gacgttcctc cttctactgt ctggagtatt 2040

tcccatcgca gatgccgaga accggcaaca actttcagtt cagctacacc ttcgaggacg 2100
tgcctttcca cagcagctac gcgcacagcc agagcctgga caggctgatg aatcccctca 2160
tcgaccagta cctgtactac ctggtcagaa cgcaaacgac tggaactgga gggacgcaga 2220
ctctggcatt cagccaagcg ggtcctagct caatggccaa ccaggctaga aattgggtgc 2280
ccggaccttg ctaccggcag cagcgcgtct ccacgacaac caaccagaac aacaacagca 2340
actttgcctg gacgggagct gccaagttta agctgaacgg ccgagactct ctaatgaatc 2400
cgggcgtggc aatggcttcc cacaaggatg acgacgaccg cttcttccct tcgagcgggg 2460

tcctgatttt tggcaagcaa ggagccggga acgatggagt ggattacagc caagtgctga 2520
ttacagatga ggaagaaatc aaggctacca accccgtggc cacagaagaa tatggagcag 2580
tggccatcaa caaccaggcc gccaatacgc aggcgcagac cggactcgtg cacaaccagg 2640

gggtgattcc cggcatggtg tggcagaata gagacgtgta cctgcagggt cccatctggg 2700

ccaaaattcc tcacacggac ggcaactttc acccgtctcc cctgatgggc ggctttggac 2760

tgaagcaccc gcctcctcaa attctcatca agaacacacc ggttccagcg gacccgccgc 2820

ttaccttcaa ccaggccaag ctgaactctt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880

gcgtggaaat cgagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaat ccagagattc 2940

aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgtcaac acggaaggag 3000

tttatagcga gcctcgcccc attggcaccc gttacctcac ccgcaacctg taattacatg 3060

ttaatcaata aaccggttaa ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 106

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 106

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Pro Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 107

<211> 3122

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 107

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagggt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtgcgagccc 420

aagcgggcct gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag accagaaagg gtggagccaa 480

caagagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctcgggcatc 1320
ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380
gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440
cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620
atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tttcaccacg tgactggcaa 1740
cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800
atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860
agcaccgtgc aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920

caccagggat gtctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tggttcctca gtacggctat 1980
ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttcct ccttctactg tctggagtat 2040
ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatcccctc 2160
atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220
actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280
cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340

aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaatgaat 2400
ccgggcgtgg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460
gtcctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgctg 2520
attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtgg ccacagaaga atatggagca 2580
gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640

ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700

gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc ccctgatggg cggctttgga 2760

ctgaagcacc cgcctcctca aattctcatc aagaacacac cggttccagc ggacccgccg 2820

cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940

caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggagggg 3000

gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060

gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 108

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 108

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 109

<211> 2370

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 109

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagacgctg tttccctgca 600

aaacgtgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg gtcagagact 660

gctcagaatg tttccccggt gcatcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720

agaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320

atcggcaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380

tcggagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040

tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100

gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160

ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220

actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgtyggctca ggccaagaac 2280

tggctacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340

aacagcaatt ttgctggacc ggtgccacca 2370

<210> 110

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 110

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 111

<211> 2205

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 111

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680
gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740
ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800
cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860
cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920
ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980
agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100
tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160
gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 112
<211> 734
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 112

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15
Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser

180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly

195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu

245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575
Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 113

<211> 3128

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 113

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatgttgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagccgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgcg ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctagatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
aacagcaact gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacccac aaggacgacg aagagcgatt 2400
ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg ttttccgtcc 2460

agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac ggaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940

gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggacttcgc tgttaacaca 3000

gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taatctgtaa 3060

ttgctcgtta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 114

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 114

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 115

<211> 3128

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 115

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt tgtcagaaaa aagacgtatc 720
ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctagatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gacccaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacccac aaggacgacg aagagcgatt ttttccgtcc 2460

agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940

gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgttaacaca 3000

gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taatctgtaa 3060

ttgcttgtta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 116

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 116

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Pro Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 117
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 117
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 118

<211> 2172

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 118

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tt 2172

<210> 119
<211> 720
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 119
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
<210> 120
<211> 724
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 5
<400> 120
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 121

<211> 2175

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 5

<400> 121

Ala Thr Gly Thr Cys Thr Thr Thr Thr Gly Thr Thr Gly Ala Thr Cys

1 5 10 15

Ala Cys Cys Cys Thr Cys Cys Ala Gly Ala Thr Thr Gly Gly Thr Thr

20 25 30

Gly Gly Ala Ala Gly Ala Ala Gly Thr Thr Gly Gly Thr Gly Ala Ala

35 40 45

Gly Gly Thr Cys Thr Thr Cys Gly Cys Gly Ala Gly Thr Thr Thr Thr

50 55 60

Thr Gly Gly Gly Cys Cys Thr Thr Gly Ala Ala Gly Cys Gly Gly Gly

65 70 75 80

Cys Cys Cys Ala Cys Cys Gly Ala Ala Ala Cys Cys Ala Ala Ala Ala

85 90 95

Cys Cys Cys Ala Ala Thr Cys Ala Gly Cys Ala Gly Cys Ala Thr Cys

100 105 110

Ala Ala Gly Ala Thr Cys Ala Ala Gly Cys Cys Cys Gly Thr Gly Gly
115 120 125

Thr Cys Thr Thr Gly Thr Gly Cys Thr Gly Cys Cys Thr Gly Gly Thr
130 135 140
Thr Ala Thr Ala Ala Cys Thr Ala Thr Cys Thr Cys Gly Gly Ala Cys
145 150 155 160
Cys Cys Gly Gly Ala Ala Ala Cys Gly Gly Thr Cys Thr Cys Gly Ala
165 170 175
Thr Cys Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Thr Gly Thr Cys
180 185 190

Ala Ala Cys Ala Gly Gly Gly Cys Ala Gly Ala Cys Gly Ala Gly Gly
195 200 205
Thr Cys Gly Cys Gly Cys Gly Ala Gly Ala Gly Cys Ala Cys Gly Ala
210 215 220
Cys Ala Thr Cys Thr Cys Gly Thr Ala Cys Ala Ala Cys Gly Ala Gly
225 230 235 240
Cys Ala Gly Cys Thr Thr Gly Ala Gly Gly Cys Gly Gly Gly Ala Gly
245 250 255

Ala Cys Ala Ala Cys Cys Cys Cys Thr Ala Cys Cys Thr Cys Ala Ala
260 265 270
Gly Thr Ala Cys Ala Ala Cys Cys Ala Cys Gly Cys Gly Gly Ala Cys
275 280 285
Gly Cys Cys Gly Ala Gly Thr Thr Thr Cys Ala Gly Gly Ala Gly Ala
290 295 300
Ala Gly Cys Thr Cys Gly Cys Cys Gly Ala Cys Gly Ala Cys Ala Cys
305 310 315 320

Ala Thr Cys Cys Thr Thr Cys Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ala Ala Cys
325 330 335
Cys Thr Cys Gly Gly Ala Ala Ala Gly Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr
340 345 350
Thr Thr Cys Ala Gly Gly Cys Cys Ala Ala Gly Ala Ala Ala Ala Gly

355 360 365

Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Gly Ala Ala Cys Cys Thr Thr Thr Thr

370 375 380

Gly Gly Cys Cys Thr Gly Gly Thr Thr Gly Ala Ala Gly Ala Gly Gly

385 390 395 400

Gly Thr Gly Cys Thr Ala Ala Gly Ala Cys Gly Gly Cys Cys Cys Cys

405 410 415

Thr Ala Cys Cys Gly Gly Ala Ala Ala Gly Cys Gly Gly Ala Thr Ala

420 425 430

Gly Ala Cys Gly Ala Cys Cys Ala Cys Thr Thr Thr Cys Cys Ala Ala

435 440 445

Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Gly Cys Thr Cys Gly

450 455 460

Gly Ala Cys Cys Gly Ala Ala Gly Ala Gly Gly Ala Cys Thr Cys Cys

465 470 475 480

Ala Ala Gly Cys Cys Thr Thr Cys Cys Ala Cys Cys Thr Cys Gly Thr

485 490 495

Cys Ala Gly Ala Cys Gly Cys Cys Gly Ala Ala Gly Cys Thr Gly Gly

500 505 510

Ala Cys Cys Cys Ala Gly Cys Gly Gly Ala Thr Cys Cys Cys Ala Gly

515 520 525

Cys Ala Gly Cys Thr Gly Cys Ala Ala Ala Thr Cys Cys Cys Ala Gly

530 535 540

Cys Cys Cys Ala Ala Cys Cys Ala Gly Cys Cys Thr Cys Ala Ala Gly

545 550 555 560

Thr Thr Thr Gly Gly Gly Ala Gly Cys Thr Gly Ala Thr Ala Cys Ala

565 570 575

Ala Thr Gly Thr Cys Thr Gly Cys Gly Gly Gly Ala Gly Gly Thr Gly

580 585 590

Gly Cys Gly Gly Cys Cys Cys Ala Thr Thr Gly Gly Gly Cys Gly Ala

595 600 605

Cys Ala Ala Thr Ala Ala Cys Cys Ala Ala Gly Gly Thr Gly Cys Cys
610 615 620
Gly Ala Thr Gly Gly Ala Gly Thr Gly Gly Gly Cys Ala Ala Thr Gly
625 630 635 640

Cys Cys Thr Cys Gly Gly Gly Ala Gly Ala Thr Thr Gly Gly Cys Ala
645 650 655
Thr Thr Gly Cys Gly Ala Thr Thr Cys Cys Ala Cys Gly Thr Gly Gly
660 665 670
Ala Thr Gly Gly Gly Gly Gly Ala Cys Ala Gly Ala Gly Thr Cys Gly
675 680 685
Thr Cys Ala Cys Cys Ala Ala Gly Thr Cys Cys Ala Cys Cys Cys Gly
690 695 700

Ala Ala Cys Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Cys Thr Gly Cys Cys Cys
705 710 715 720
Ala Gly Cys Thr Ala Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Cys Ala Cys Cys
725 730 735
Ala Gly Thr Ala Cys Cys Gly Ala Gly Ala Gly Ala Thr Cys Ala Ala
740 745 750
Ala Ala Gly Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Thr Cys Gly Ala Cys
755 760 765

Gly Gly Ala Ala Gly Cys Ala Ala Cys Gly Cys Cys Ala Ala Cys Gly
770 775 780
Cys Cys Thr Ala Cys Thr Thr Thr Gly Gly Ala Thr Ala Cys Ala Gly
785 790 795 800
Cys Ala Cys Cys Cys Cys Cys Thr Gly Gly Gly Gly Gly Thr Ala Cys
805 810 815
Thr Thr Thr Gly Ala Cys Thr Thr Thr Ala Ala Cys Cys Gly Cys Thr
820 825 830

Thr Cys Cys Ala Cys Ala Gly Cys Cys Ala Cys Thr Gly Gly Ala Gly
835 840 845
Cys Cys Cys Cys Cys Gly Ala Gly Ala Cys Thr Gly Gly Cys Ala Ala

850 855 860

Ala Gly Ala Cys Thr Cys Ala Thr Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Thr

865 870 875 880

Ala Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys Thr Thr Cys Ala Gly Ala Cys Cys

885 890 895

Cys Cys Gly Gly Thr Cys Cys Cys Thr Cys Ala Gly Ala Gly Thr Cys

900 905 910

Ala Ala Ala Ala Thr Cys Thr Thr Cys Ala Ala Cys Ala Thr Thr Cys

915 920 925

Ala Ala Gly Thr Cys Ala Ala Ala Gly Ala Gly Gly Thr Cys Ala Cys

930 935 940

Gly Gly Thr Gly Cys Ala Gly Gly Ala Cys Thr Cys Cys Ala Cys Cys

945 950 955 960

Ala Cys Cys Ala Cys Cys Ala Thr Cys Gly Cys Cys Ala Ala Cys Ala

965 970 975

Ala Cys Cys Thr Cys Ala Cys Cys Thr Cys Cys Ala Cys Cys Gly Thr

980 985 990

Cys Cys Ala Ala Gly Thr Gly Thr Thr Thr Ala Cys Gly Gly Ala Cys

995 1000 1005

Gly Ala Cys Gly Ala Cys Thr Ala Cys Cys Ala Gly Cys Thr Gly

1010 1015 1020

Cys Cys Cys Thr Ala Cys Gly Thr Cys Gly Thr Cys Gly Gly Cys

1025 1030 1035

Ala Ala Cys Gly Gly Gly Ala Cys Cys Gly Ala Gly Gly Gly Ala

1040 1045 1050

Thr Gly Cys Cys Thr Gly Cys Cys Gly Gly Cys Cys Thr Thr Cys

1055 1060 1065

Cys Cys Thr Cys Cys Gly Cys Ala Gly Gly Thr Cys Thr Thr Thr

1070 1075 1080

Ala Cys Gly Cys Thr Gly Cys Cys Gly Cys Ala Gly Thr Ala Cys

1085 1090 1095

Gly Gly Thr Thr Ala Cys Gly Cys Gly Ala Cys Gly Cys Thr Gly
1100 1105 1110
Ala Ala Cys Cys Gly Cys Gly Ala Cys Ala Ala Cys Ala Cys Ala
1115 1120 1125
Gly Ala Ala Ala Ala Thr Cys Cys Cys Ala Cys Cys Gly Ala Gly
1130 1135 1140

Ala Gly Gly Ala Gly Cys Ala Gly Cys Thr Thr Cys Thr Thr Cys
1145 1150 1155
Thr Gly Cys Cys Thr Ala Gly Ala Gly Thr Ala Cys Thr Thr Thr
1160 1165 1170
Cys Cys Cys Ala Gly Cys Ala Ala Gly Ala Thr Gly Cys Thr Gly
1175 1180 1185
Ala Gly Ala Ala Cys Gly Gly Gly Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys
1190 1195 1200

Thr Thr Thr Gly Ala Gly Thr Thr Thr Ala Cys Cys Thr Ala Cys
1205 1210 1215
Ala Ala Cys Thr Thr Thr Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Thr Gly
1220 1225 1230
Cys Cys Cys Thr Thr Cys Cys Ala Cys Thr Cys Cys Ala Gly Cys
1235 1240 1245
Thr Thr Cys Gly Cys Thr Cys Cys Cys Ala Gly Thr Cys Ala Gly
1250 1255 1260

Ala Ala Cys Cys Thr Gly Thr Thr Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly
1265 1270 1275
Gly Cys Cys Ala Ala Cys Cys Cys Gly Cys Thr Gly Gly Thr Gly
1280 1285 1290
Gly Ala Cys Cys Ala Gly Thr Ala Cys Thr Thr Gly Thr Ala Cys
1295 1300 1305
Cys Gly Cys Thr Thr Cys Gly Thr Gly Ala Gly Cys Ala Cys Ala
1310 1315 1320

Ala Ala Thr Ala Ala Cys Ala Cys Thr Gly Gly Cys Gly Gly Ala

1325 1330 1335

Gly Thr Cys Cys Ala Gly Thr Thr Cys Ala Ala Cys Ala Ala Gly

1340 1345 1350

Ala Ala Cys Cys Thr Gly Gly Cys Cys Gly Gly Gly Ala Gly Ala

1355 1360 1365

Thr Ala Cys Gly Cys Cys Ala Ala Cys Ala Cys Cys Thr Ala Cys

1370 1375 1380

Ala Ala Ala Ala Ala Cys Thr Gly Gly Thr Thr Cys Cys Cys Gly

1385 1390 1395

Gly Gly Gly Cys Cys Cys Ala Thr Gly Gly Gly Cys Cys Gly Ala

1400 1405 1410

Ala Cys Cys Cys Ala Gly Gly Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala Cys

1415 1420 1425

Cys Thr Gly Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly Gly Gly Thr Cys

1430 1435 1440

Ala Ala Cys Cys Gly Cys Gly Cys Cys Ala Gly Thr Gly Thr Cys

1445 1450 1455

Ala Gly Cys Gly Cys Cys Thr Thr Cys Gly Cys Cys Ala Cys Gly

1460 1465 1470

Ala Cys Cys Ala Ala Thr Ala Gly Gly Ala Thr Gly Gly Ala Gly

1475 1480 1485

Cys Thr Cys Gly Ala Gly Gly Gly Cys Gly Cys Gly Ala Gly Thr

1490 1495 1500

Thr Ala Cys Cys Ala Gly Gly Thr Gly Cys Cys Cys Cys Cys Gly

1505 1510 1515

Cys Ala Gly Cys Cys Gly Ala Ala Cys Gly Gly Cys Ala Thr Gly

1520 1525 1530

Ala Cys Cys Ala Ala Cys Ala Ala Cys Cys Thr Cys Cys Ala Gly

1535 1540 1545

Gly Gly Cys Ala Gly Cys Ala Ala Cys Ala Cys Cys Thr Ala Thr

1550 1555 1560

Gly Cys Cys Cys Thr Gly Gly Ala Gly Ala Ala Cys Ala Cys Thr
1565 1570 1575
Ala Thr Gly Ala Thr Cys Thr Thr Cys Ala Ala Cys Ala Gly Cys
1580 1585 1590
Cys Ala Gly Cys Cys Gly Gly Cys Gly Ala Ala Cys Cys Cys Gly
1595 1600 1605
Gly Gly Cys Ala Cys Cys Ala Cys Cys Gly Cys Cys Ala Cys Gly
1610 1615 1620

Thr Ala Cys Cys Thr Cys Gly Ala Gly Gly Gly Cys Ala Ala Cys
1625 1630 1635
Ala Thr Gly Cys Thr Cys Ala Thr Cys Ala Cys Cys Ala Gly Cys
1640 1645 1650
Gly Ala Gly Ala Gly Cys Gly Ala Gly Ala Cys Gly Cys Ala Gly
1655 1660 1665
Cys Cys Gly Gly Thr Gly Ala Ala Cys Cys Gly Cys Gly Thr Gly
1670 1675 1680

Gly Cys Gly Thr Ala Cys Ala Ala Cys Gly Thr Cys Gly Gly Cys
1685 1690 1695
Gly Gly Gly Cys Ala Gly Ala Thr Gly Gly Cys Cys Ala Cys Cys
1700 1705 1710
Ala Ala Cys Ala Ala Cys Cys Ala Gly Ala Gly Cys Thr Cys Cys
1715 1720 1725
Ala Cys Cys Ala Cys Thr Gly Cys Cys Cys Cys Cys Gly Cys Gly
1730 1735 1740

Ala Cys Cys Gly Gly Cys Ala Cys Gly Thr Ala Cys Ala Ala Cys
1745 1750 1755
Cys Thr Cys Cys Ala Gly Gly Ala Ala Ala Thr Cys Gly Thr Gly
1760 1765 1770
Cys Cys Cys Gly Gly Cys Ala Gly Cys Gly Thr Gly Thr Gly Gly
1775 1780 1785
Ala Thr Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Ala Cys Gly Thr Gly

1790 1795 1800

Thr Ala Cys Cys Thr Cys Cys Ala Ala Gly Gly Ala Cys Cys Cys

1805 1810 1815

Ala Thr Cys Thr Gly Gly Gly Cys Cys Ala Ala Gly Ala Thr Cys

1820 1825 1830

Cys Cys Ala Gly Ala Gly Ala Cys Gly Gly Gly Gly Gly Cys Gly

1835 1840 1845

Cys Ala Cys Thr Thr Thr Cys Ala Cys Cys Cys Cys Thr Cys Thr

1850 1855 1860

Cys Cys Gly Gly Cys Cys Ala Thr Gly Gly Gly Cys Gly Gly Ala

1865 1870 1875

Thr Thr Cys Gly Gly Ala Cys Thr Cys Ala Ala Ala Cys Ala Cys

1880 1885 1890

Cys Cys Ala Cys Cys Gly Cys Cys Cys Ala Thr Gly Ala Thr Gly

1895 1900 1905

Cys Thr Cys Ala Thr Cys Ala Ala Gly Ala Ala Cys Ala Cys Gly

1910 1915 1920

Cys Cys Thr Gly Thr Gly Cys Cys Cys Gly Gly Ala Ala Ala Thr

1925 1930 1935

Ala Thr Cys Ala Cys Cys Ala Gly Cys Thr Thr Cys Thr Cys Gly

1940 1945 1950

Gly Ala Cys Gly Thr Gly Cys Cys Cys Gly Thr Cys Ala Gly Cys

1955 1960 1965

Ala Gly Cys Thr Thr Cys Ala Thr Cys Ala Cys Cys Cys Ala Gly

1970 1975 1980

Thr Ala Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys Gly Gly Gly Cys Ala Gly

1985 1990 1995

Gly Thr Cys Ala Cys Cys Gly Thr Gly Gly Ala Gly Ala Thr Gly

2000 2005 2010

Gly Ala Gly Thr Gly Gly Gly Ala Gly Cys Thr Cys Ala Ala Gly

2015 2020 2025

Ala Ala Gly Gly Ala Ala Ala Ala Cys Thr Cys Cys Ala Ala Gly
2030 2035 2040

Ala Gly Gly Thr Gly Gly Ala Ala Cys Cys Cys Ala Gly Ala Gly
2045 2050 2055
Ala Thr Cys Cys Ala Gly Thr Ala Cys Ala Cys Ala Ala Ala Cys
2060 2065 2070
Ala Ala Cys Thr Ala Cys Ala Ala Cys Gly Ala Cys Cys Cys Cys
2075 2080 2085
Cys Ala Gly Thr Thr Thr Gly Thr Gly Gly Ala Cys Thr Thr Thr
2090 2095 2100

Gly Cys Cys Cys Cys Gly Gly Ala Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys
2105 2110 2115
Gly Gly Gly Gly Ala Ala Thr Ala Cys Ala Gly Ala Ala Cys Cys
2120 2125 2130
Ala Cys Cys Ala Gly Ala Cys Cys Thr Ala Thr Cys Gly Gly Ala
2135 2140 2145
Ala Cys Cys Cys Gly Ala Thr Ala Cys Cys Thr Thr Ala Cys Cys
2150 2155 2160

Cys Gly Ala Cys Cys Cys Cys Thr Thr Thr Ala Ala
2165 2170 2175
<210> 122
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 6
<400> 122
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200
tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040
gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctg 2208

<210> 123

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 123

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 124

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 124

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu
85 90 95

Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile

100 105 110

Arg Asp Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala His Asp
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ala
275 280 285
Pro Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu

290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Arg Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Gln Asp His Val Thr Glu Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Asn Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Lys Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala

515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Leu Gln Met

530 535 540

Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile

545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Thr Arg Asp Cys Ser Glu Cys Phe Pro Gly Val

565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Arg Lys Leu Cys

580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln

610 615 620

<210> 125

<211> 4683

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 125

ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180
ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240
gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300

ggtttgaacg cgcagcgcca tgccggggtt ttacgagatt gtgattaagg tccccagcga 360
ccttgacgag catctgcccg gcatttctga cagctttgtg aactgggtgg ccgagaagga 420
atgggagttg ccgccagatt ctgacatgga tctgaatctg attgagcagg cacccctgac 480
cgtggccgag aagctgcagc gcgacttcct ggtccagtgg cgccgcgtga gtaaggcccc 540
ggaggccctc ttctttgttc agttcgagaa gggcgagtcc tacttccacc tccatattct 600
ggtggagacc acgggggtca aatccatggt gctgggccgc ttcctgagtc agattaggga 660
caagctggtg cagaccatct accgcgggat cgagccgacc ctgcccaact ggttcgcggt 720

gaccaagacg cgtaatggcg ccggaggggg gaacaaggtg gtggacgagt gctacatccc 780
caactacctc ctgcccaaga ctcagcccga gctgcagtgg gcgtggacta acatggagga 840
gtatataagc gcgtgtttaa acctggccga gcgcaaacgg ctcgtggcgc acgacctgac 900
ccacgtcagc cagacccagg agcagaacaa ggagaatctg aaccccaatt ctgacgcgcc 960
tgtcatccgg tcaaaaacct ccgcacgcta catggagctg gtcgggtggc tggtggaccg 1020
gggcatcacc tccgagaagc agtggatcca ggaggaccag gcctcgtaca tctccttcaa 1080
cgccgcctcc aactcgcggt cccagatcaa ggccgctctg gacaatgccg gcaagatcat 1140

ggcgctgacc aaatccgcgc ccgactacct ggtaggcccc gctccgcccg ccgacattaa 1200
aaccaaccgc atttaccgca tcctggagct gaacggctac gaccctgcct acgccggctc 1260
cgtctttctc ggctgggccc agaaaaggtt cggaaaacgc aacaccatct ggctgtttgg 1320
gccggccacc acgggcaaga ccaacatcgc ggaagccatc gcccacgccg tgcccttcta 1380
cggctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg acaagatggt 1440
gatctggtgg gaggagggca agatgacggc caaggtcgtg gagtccgcca aggccattct 1500
cggcggcagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtcg tccgcccaga tcgatcccac 1560

ccccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga acagcaccac 1620
cttcgagcac cagcagccgt tgcaggaccg gatgttcaaa tttgaactca cccgccgtct 1680
ggagcatgac tttggcaagg tgacaaagca ggaagtcaaa gagttcttcc gctgggcgca 1740
ggatcacgtg accgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggtggag ccaacaagag 1800
acccgccccc gatgacgcgg ataaaagcga gcccaagcgg gcctgcccct cagtcgcgga 1860
tccatcgacg tcagacgcgg aaggagctcc ggtggacttt gccgacaggt accaaaacaa 1920

atgttctcgt cacgcgggca tgcttcagat gctgtttccc tgcaaaacat gcgagagaat 1980

gaatcagaat ttcaacattt gcttcacgca cgggaccaga gactgttcag aatgtttccc 2040
cggcgtgtca gaatctcaac cggtcgtcag aaagaggacg tatcggaaac tctgtgccat 2100
tcatcatctg ctggggcggg ctcccgagat tgcttgctcg gcctgcgatc tggtcaacgt 2160
ggatctggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgccgatg 2220
gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact 2280
tgaaacctgg agccccgaaa cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc 2340
tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg 2400

tcaacgcggc ggatgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag 2460
cgggtgacaa tccgtacctg cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc 2520
aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagaggg 2580
ttctcgaacc ttttggtctg gttgaggaag gtgctaagac ggctcctgga aagaaacgtc 2640
cggtagagca gtcgccacaa gagccagact cctcctcggg cattggcaag acaggccagc 2700
agcccgctaa aaagagactc aattttggtc agactggcga ctcagagtca gtccccgacc 2760
cacaacctct cggagaacct ccagcaaccc ccgctgctgt gggacctact acaatggctt 2820

caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg ggtaatgcct 2880
caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcaccc 2940
gaacatgggc cttgcccacc tataacaacc acctctacaa gcaaatctcc agtgcttcaa 3000
cgggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg tattttgatt 3060
tcaacagatt ccactgccat ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc aacaacaatt 3120
ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctcttcaa catccaagtc aaggaggtca 3180
cgacgaatga tggcgtcacg accatcgcta ataaccttac cagcacggtt caagtcttct 3240

cggactcgga gtaccagttg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgcctccctc 3300
cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc agtacggcta cctaacgctc aacaatggca 3360
gccaggcagt gggacggtca tccttttact gcctggaata tttcccatcg cagatgctga 3420
gaacgggcaa taactttacc ttcagctaca ccttcgagga cgtgcctttc cacagcagct 3480
acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccag tacctgtatt 3540
acctgaacag aactcagaat cagtccggaa gtgcccaaaa caaggacttg ctgtttagcc 3600
gggggtctcc agctggcatg tctgttcagc ccaaaaactg gctacctgga ccctgttacc 3660

ggcagcagcg cgtttctaaa acaaaaacag acaacaacaa cagcaacttt acctggactg 3720

gtgcttcaaa atataacctt aatgggcgtg aatctataat caaccctggc actgctatgg 3780

cctcacacaa agacgacaaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcatg atttttggaa 3840

aggagagcgc cggagcttca aacactgcat tggacaatgt catgatcaca gacgaagagg 3900

aaatcaaagc cactaacccc gtggccaccg aaagatttgg gactgtggca gtcaatctcc 3960

agagcagcag cacagaccct gcgaccggag atgtgcatgt tatgggagcc ttacctggaa 4020

tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa attcctcaca 4080

cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag cacccgcctc 4140

ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag ttttcggcta 4200

caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg gagattgaat 4260

gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat acatctaact 4320

atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat actgagcctc 4380

gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc ccctgtaatt gtgtgttaat caataaaccg 4440

gttaattcgt gtcagttgaa ctttggtctc atgtcgttat tatcttatct ggtcaccata 4500

gcaaccggtt acacattaac tgcttagttg cgcttcgcga ataccccctag tgatggagtt 4560

gcccactccc tctatgcgcg ctcgctcgct cggtggggcc ggcagagcag agctctgccg 4620

tctgcggacc tttggtccgc aggccccacc gagcgagcga gcgcgcatag agggagtggg 4680

caa 4683

<210> 126

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 126

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200
tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980
gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040
gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 127

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 127

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 128

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 128

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 129
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 129
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 130
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 130
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 131
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 7
<400> 131

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
gcaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacag tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg aaactgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacagctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtaacc caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca actaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtag ccacggaaga atacgggata 1740

gtcagcagca acttacaagc ggctaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactttga aaagcagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 132

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 132

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 133

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 133

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735
Leu

<210> 134
<211> 623
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 7
<400> 134
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60
Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu
85 90 95
Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110

Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Thr Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser
275 280 285
Leu Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu
290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525
Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Ile Gln Met
530 535 540
Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile
545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Gly Val
565 570 575
Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Lys Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590
Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605
Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 135
<211> 4721
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 7
<400> 135

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60

agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg taccgcgaag cgcctcccac gctgccgcgt cagcgctgac 180

gtaaatcacg tcatagggga gtggtcctgt attagctgtc acgtgagtgc ttttgcgaca 240

ttttgcgaca ccacgtggcc atttgaggta tatatggccg agtgagcgag caggatctcc 300

attttgaccg cgaaatttga acgagcagca gccatgccgg gtttctacga gatcgtgatc 360

aaggtgccga gcgacctgga cgagcacctg ccgggcattt ctgactcgtt tgtgaactgg 420

gtggccgaga aggaatggga gctgcccccg gattctgaca tggatctgaa tctgatcgag 480

caggcacccc tgaccgtggc cgagaagctg cagcgcgact tcctggtcca atggcgccgc 540

gtgagtaagg ccccggaggc cctgttcttt gttcagttcg agaagggcga gagctacttc 600

caccttcacg ttctggtgga gaccacgggg gtcaagtcca tggtgctagg ccgcttcctg 660

agtcagattc gggagaagct ggtccagacc atctaccgcg gggtcgagcc cacgctgccc 720

aactggttcg cggtgaccaa gacgcgtaat ggcgccggcg gggggaacaa ggtggtggac 780

gagtgctaca tccccaacta cctcctgccc aagacccagc ccgagctgca gtgggcgtgg 840

actaacatgg aggagtatat aagcgcgtgt ttgaacctgg ccgaacgcaa acggctcgtg 900

gcgcagcacc tgacccacgt cagccagacg caggagcaga acaaggagaa tctgaacccc 960

aattctgacg cgcccgtgat caggtcaaaa acctccgcgc gctacatgga gctggtcggg 1020

tggctggtgg accggggcat cacctccgag aagcagtgga tccaggagga ccaggcctcg 1080

tacatctcct tcaacgccgc ctccaactcg cggtcccaga tcaaggccgc gctggacaat 1140

gccggcaaga tcatggcgct gaccaaatcc gcgcccgact acctggtggg gccctcgctg 1200

cccgcggaca ttaaaaccaa ccgcatctac cgcatcctgg agctgaacgg gtacgatcct 1260

gcctacgccg gctccgtctt tctcggctgg gcccagaaaa agttcgggaa gcgcaacacc 1320

atctggctgt ttgggcccgc caccaccggc aagaccaaca ttgcggaagc catcgcccac 1380

gccgtgccct tctacggctg cgtcaactgg accaatgaga actttccctt caacgattgc 1440

gtcgacaaga tggtgatctg gtgggaggag ggcaagatga cggccaaggt cgtggagtcc 1500

gccaaggcca ttctcggcgg cagcaaggtg cgcgtggacc aaaagtgcaa gtcgtccgcc 1560

cagatcgacc ccacccccgt gatcgtcacc tccaacacca acatgtgcgc cgtgattgac 1620

gggaacagca ccaccttcga gcaccagcag ccgttgcagg accggatgtt caaatttgaa 1680

ctcacccgcc gtctggagca cgactttggc aaggtgacga agcaggaagt caaagagttc 1740

ttccgctggg ccagtgatca cgtgaccgag gtggcgcatg agttctacgt cagaaagggc 1800

ggagccagca aaagacccgc ccccgatgac gcggatataa gcgagcccaa gcgggcctgc 1860

ccctcagtcg cggatccatc gacgtcagac gcggaaggag ctccggtgga ctttgccgac 1920
aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgcg ggcatgattc agatgctgtt tccctgcaaa 1980
acgtgcgaga gaatgaatca gaatttcaac atttgcttca cacacggggt cagagactgt 2040

ttagagtgtt tccccggcgt gtcagaatct caaccggtcg tcagaaaaaa gacgtatcgg 2100
aaactctgcg cgattcatca tctgctgggg cgggcgcccg agattgcttg ctcggcctgc 2160
gacctggtca acgtggacct ggacgactgc gtttctgagc aataaatgac ttaaaccagg 2220
tatggctgcc gatggttatc ttccagattg gctcgaggac aacctctctg agggcattcg 2280
cgagtggtgg gacctgaaac ctggagcccc gaaacccaaa gccaaccagc aaaagcagga 2340
caacggccgg ggtctggtgc ttcctggcta caagtacctc ggacccttca acggactcga 2400
caagggggag cccgtcaacg cggcggacgc agcggccctc gagcacgaca aggcctacga 2460

ccagcagctc aaagcgggtg acaatccgta cctgcggtat aaccacgccg acgccgagtt 2520
tcaggagcgt ctgcaagaag atacgtcatt tgggggcaac ctcgggcgag cagtcttcca 2580
ggccaagaag cgggttctcg aacctctcgg tctggttgag gaaggcgcta agacggctcc 2640
tgcaaagaag agaccggtag agccgtcacc tcagcgttcc cccgactcct ccacgggcat 2700
cggcaagaaa ggccagcagc ccgccagaaa gagactcaat ttcggtcaga ctggcgactc 2760
agagtcagtc cccgaccctc aacctctcgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg 2820
atctggtaca gtggctgcag gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga 2880

cggagtgggt aatgcctcag gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt 2940
cattaccacc agcacccgaa cctgggccct gcccacctac aacaaccacc tctacaagca 3000
aatctccagt gaaactgcag gtagtaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc 3060
ctgggggtat tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 3120
actcatcaac aacaactggg gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat 3180
ccaggtcaag gaggtcacga cgaatgacgg cgttacgacc atcgctaata accttaccag 3240
cacgattcag gtattctcgg actcggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca 3300

ccagggctgc ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct 3360
gactctcaac aatggcagtc agtctgtggg acgttcctcc ttctactgcc tggagtactt 3420
cccctctcag atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctacagct tcgaggacgt 3480
gcctttccac agcagctacg cacacagcca gagcctggac cggctgatga atcccctcat 3540
cgaccagtac ttgtactacc tggccagaac acagagtaac ccaggaggca cagctggcaa 3600
tcgggaactg cagttttacc agggcgggcc ttcaactatg gccgaacaag ccaagaattg 3660

gttacctgga ccttgcttcc ggcaacaaag agtctccaaa acgctggatc aaaacaacaa 3720

cagcaacttt gcttggactg gtgccaccaa atatcacctg aacggcagaa actcgttggt 3780
taatcccggc gtcgccatgg caactcacaa ggacgacgag gaccgctttt tcccatccag 3840
cggagtcctg atttttggaa aaactggagc aactaacaaa actacattgg aaaatgtgtt 3900
aatgacaaat gaagaagaaa ttcgtcctac taatcctgta gccacggaag aatacgggat 3960
agtcagcagc aacttacaag cggctaatac tgcagcccag acacaagttg tcaacaacca 4020
gggagcctta cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcccatctg 4080
ggccaagatt cctcacacgg atggcaactt tcacccgtct cctttgatgg gcggctttgg 4140

acttaaacat ccgcctcctc agatcctgat caagaacact cccgttcccg ctaatcctcc 4200
ggaggtgttt actcctgcca agtttgcttc gttcatcaca cagtacagca ccggacaagt 4260
cagcgtggaa atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga acccggagat 4320
tcagtacacc tccaactttg aaaagcagac tggtgtggac tttgccgttg acagccaggg 4380
tgtttactct gagcctcgcc ctattggcac tcgttacctc acccgtaatc tgtaattgca 4440
tgttaatcaa taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggtctcctg tgcttcttat 4500
cttatcggtt tccatagcaa ctggttacac attaactgct tgggtgcgct tcacgataag 4560

aacactgacg tcaccgcggt acccctagtg atggagttgg ccactccctc tatgcgcgct 4620
cgctcgctcg gtggggcctg cggaccaaag gtccgcagac ggcagagctc tgctctgccg 4680
gccccaccga gcgagcgagc gcgcatagag ggagtggcca a 4721

<210> 136
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 7
<400> 136

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
gcaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacag tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg aaactgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacagctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtaacc caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca actaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtag ccacggaaga atacgggata 1740

gtcagcagca acttacaagc ggctaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactttga aaagcagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 137

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 137

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 138
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 8
<400> 138
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600
cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140
ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200
tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440
ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500
agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560
aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620
gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680
atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740
atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920
ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980
ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100
atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160
ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 139
<211> 2213
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 8
<400> 139
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600
cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

cagggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt aatacagaag 2160

gcgtgtactc tgaaccccgc cccattggca cccgttacct cacccgtaat ctg 2213

<210> 140

<211> 4393

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 140

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtagcgcg aagcgcctcc cacgctgccg 60

cgtcagcgct gacgtaaatt acgtcatagg ggagtggtcc tgtattagct gtcacgtgag 120

tgcttttgcg gcattttgcg acaccacgtg gccatttgag gtatatatgg ccgagtgagc 180

gagcaggatc tccattttga ccgcgaaatt tgaacgagca gcagccatgc cgggcttcta 240

cgagatcgtg atcaaggtgc cgagcgacct ggacgagcac ctgccgggca tttctgactc 300

gtttgtgaac tgggtggccg agaaggaatg ggagctgccc ccggattctg acatggatcg 360

gaatctgatc gagcaggcac ccctgaccgt ggccgagaag ctgcagcgcg acttcctggt 420

ccaatggcgc cgcgtgagta aggccccgga ggccctcttc tttgttcagt tcgagaaggg 480

cgagagctac tttcacctgc acgttctggt cgagaccacg ggggtcaagt ccatggtgct 540

aggccgcttc ctgagtcaga ttcgggaaaa gcttggtcca gaccatctac ccgcggggtc 600

gagccccacc ttgcccaact ggttcgcggt gaccaaagac gcggtaatgg cgccggcggg 660

ggggaacaag gtggtggacg agtgctacat ccccaactac ctcctgccca agactcagcc 720

cgagctgcag tgggcgtgga ctaacatgga ggagtatata agcgcgtgct tgaacctggc 780

cgagcgcaaa cggctcgtgg cgcagcacct gacccacgtc agccagacgc aggagcagaa 840

caaggagaat ctgaacccca attctgacgc gcccgtgatc aggtcaaaaa cctccgcgcg 900

ctatatggag ctggtcgggt ggctggtgga ccggggcatc acctccgaga agcagtggat 960

ccaggaggac caggcctcgt acatctcctt caacgccgcc tccaactcgc ggtcccagat 1020

caaggccgcg ctggacaatg ccggcaagat catggcgctg accaaatccg cgcccgacta 1080

cctggtgggg ccctcgctgc ccgcggacat tacccagaac cgcatctacc gcatcctcgc 1140

tctcaacggc tacgaccctg cctacgccgg ctccgtcttt ctcggctggg ctcagaaaaa 1200

gttcgggaaa cgcaacacca tctggctgtt tggacccgcc accaccggca agaccaacat 1260

tgcggaagcc atcgcccacg ccgtgccctt ctacggctgc gtcaactgga ccaatgagaa 1320

ctttcccttc aatgattgcg tcgacaagat ggtgatctgg tgggaggagg gcaagatgac 1380

ggccaaggtc gtggagtccg ccaaggccat tctcggcggc agcaaggtgc gcgtggacca 1440

aaagtgcaag tcgtccgccc agatcgaccc cacccccgtg atcgtcacct ccaacaccaa 1500

catgtgcgcc gtgattgacg ggaacagcac caccttcgag caccagcagc ctctccagga 1560

ccggatgttt aagttcgaac tcacccgccg tctggagcac gactttggca aggtgacaaa 1620

gcaggaagtc aaagagttct tccgctgggc cagtgatcac gtgaccgagg tggcgcatga 1680

gttttacgtc agaaagggcg gagccagcaa aagacccgcc cccgatgacg cggataaaag 1740

cgagcccaag cgggcctgcc cctcagtcgc ggatccatcg acgtcagacg cggaaggagc 1800

tccggtggac tttgccgaca ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgcgg gcatgcttca 1860

gatgctgttt ccctgcaaaa cgtgcgagag aatgaatcag aatttcaaca tttgcttcac 1920
acacggggtc agagactgct cagagtgttt ccccggcgtg tcagaatctc aaccggtcgt 1980
cagaaagagg acgtatcgga aactctgtgc gattcatcat ctgctggggc gggctcccga 2040
gattgcttgc tcggcctgcg atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca 2100
ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca 2160
acctctctga gggcattcgc gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag 2220
ccaaccagca aaagcaggac gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg 2280

gacccttcaa cggactcgac aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg 2340
agcacgacaa ggcctacgac cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata 2400
accacgccga cgccgagttt caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc 2460
tcgggcgagc agtcttccag gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg 2520
aaggcgctaa gacggctcct ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc 2580
cagactcctc tacgggcatc ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt 2640
ttggtcagac tggcgactca gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag 2700

cagcgccctc tggtgtggga cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag 2760
acaataacga aggcgccgac ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca 2820
catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca 2880
acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca 2940
cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact 3000
tttcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac 3060
tcagcttcaa gctcttcaac atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga 3120

ccatcgccaa taacctcacc agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc 3180
cgtacgttct cggctctgcc caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca 3240
tgattcccca gtacggctac ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct 3300
ccttctactg cctggaatac tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt 3360
ttacttacac cttcgaggac gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg 3420
accggctgat gaatcctctg attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa 3480
caggaggcac ggcaaatacg cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg 3540

ccaatcaggc aaagaactgg ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga 3600

caaccgggca aaacaacaat agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga 3660

atggaagaaa ttcattggct aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg 3720

agcgtttttt tcccagtaac gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca 3780

atgcggatta cagcgatgtc atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg 3840

tggctacaga ggaatacggt atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc 3900

aaattggaac tgtcaacagc caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg 3960

tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt 4020

ctccgctgat gggcggcttt ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca 4080

cgcctgtacc tgcggatcct ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca 4140

cgcaatacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca 4200

gcaagcgctg gaaccccgag atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg 4260

actttgctgt taatacagaa ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc 4320

tcacccgtaa tctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttgattcgtt tcagttgaac 4380

tttggtctct gcg 4393

<210> 141

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 141

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 142
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 8
<400> 142
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Ile Gln Lys

705 710 715 720

Ala Cys Thr Leu Asn Pro Ala Pro Leu Ala Pro Val Thr Ser Pro Val

725 730 735

Ile

<210> 143

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 143

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140
ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200
tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320
attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380
cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500
agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560
aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620
gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680
atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740
atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800
cagggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 144

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 144

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320
attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380
cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440
ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500
agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560
aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680
atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740
atcgtggcag ataacttgcc tgagcggacg gcgatgagtc ttccgggaac tgtcaacagc 1800
cagggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920
ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980
ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100
atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160
ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 145
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 145

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Pro Glu Arg Thr Ala Met
580 585 590

Ser Leu Pro Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 146
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 146

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgag ttttagtcgt gcggttcttt gtgatggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 147

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 147

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Ser Phe Ser Arg Ala Val
580 585 590
Leu Cys Asp Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 148

<211> 4385

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 148

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60

gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggtc ctgtattagc tgtcacgtga 120

gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagtgag 180

cgagcaggat ctccattttg accgcgaaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240

acgagattgt gatcaaggtg ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300

cttttgtgaa ctgggtggcc gagaaggaat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360

ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgcagcgc gacttcctgg 420

tccaatggcg ccgcgtgagt aaggccccgg aggccctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480

gcgagagcta ctttcacctg cacgttctgg tcgagaccac gggggtcaag tccatggtgc 540

taggccgctt cctgagtcag attcgggaga agctggtcca gaccatctac cgcgggatcg 600

agccgaccct gcccaactgg ttcgcggtga ccaagacgcg taatggcgcc ggcgggggga 660

acaaggtggt ggacgagtgc tacatcccca actacctcct gcccaagact cagcccgagc 720

tgcagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780
gcaaacggct cgtggcgcag cacctgaccc acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840
agaatctgaa ccccaattct gacgcgcccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgctaca 900
tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcatcacctc cgagaagcag tggatccagg 960

aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg 1020
ccgcgctgga caatgccggc aagatcatgg cgctgaccaa atccgcgccc gactacctgg 1080
taggcccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgcat ctaccgcatc ctgcagctca 1140
acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagttcg 1200
ggaaacgcaa caccatctgg ctgtttgggc cggccaccac gggaaagacc aacatcgcag 1260
aagccattgc ccacgccgtg cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320
ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380

aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt 1440
gcaagtcgtc cgcccagatc gaccccactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 1500
gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct tcgagcacca gcagcctctc caggaccgga 1560
tgtttaagtt cgaactcacc cgccgtctgg agcacgactt tggcaaggtg acaaagcagg 1620
aagtcaaaga gttcttccgc tgggccagtg atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680
acgtcagaaa gggcggagcc agcaaaagac ccgcccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740
ccaagcgggc ctgcccctca gtcgcggatc catcgacgtc agacgcggaa ggagctccgg 1800

tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860
tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920
gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccg gcgtgtcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980
agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040
cttgctcggc ctgcgatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100
tgacttaaac caggtatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc 2160
tctgagggca ttcgcgagtg gtgggcgctg aaacctggag ccccgaagcc caaagccaac 2220

cagcaaaagc aggacgacgg ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc 2280
ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcgagcac 2340
ggcaaggcct acgaccagca gctgcaggcg ggtgacaatc cgtacctgcg gtataaccac 2400
gccgacgccg agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460
cgagcagtct tccaggccaa gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc 2520
gctaagacgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagccat caccccagcg ttctccagac 2580

tcctctacgg gcatcggcaa gaaaggccaa cagcccgcca gaaaaagact caattttggt 2640

cagactggcg actcagagtc agttccagac cctcaacctc tcggagaacc tccagcagcg 2700
ccctctggtg tgggacctaa tacaatggct gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat 2760
aacgaaggcg ccgacggagt gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg 2820
ctgggggaca gagtcatcac caccagcacc cgaacctggg cattgcccac ctacaacaac 2880
cacctctaca agcaaatctc caatggaaca tcgggaggaa gcaccaacga caacacctac 2940
tttggctaca gcaccccctg ggggtatttt gacttcaaca gattccactg ccacttctca 3000
ccacgtgact ggcagcgact catcaacaac aactggggat tccggccaaa gagactcaac 3060

ttcaagctgt tcaacatcca ggtcaaggag gttacgacga acgaaggcac caagaccatc 3120
gccaataacc ttaccagcac cgtccaggtc tttacggact cggagtacca gctaccgtac 3180
gtcctaggct ctgcccacca aggatgcctg ccaccgtttc ctgcagacgt cttcatggtt 3240
cctcagtacg gctacctgac gctcaacaat ggaagtcaag cgttaggacg ttcttctttc 3300
tactgtctgg aatacttccc ttctcagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc 3360
tacactttcg aggacgtgcc tttccacagc agctacgcac acagccagag tctagatcga 3420
ctgatgaacc ccctcatcga ccagtaccta tactacctgg tcagaacaca gacaactgga 3480

actgggggaa ctcaaacttt ggcattcagc caagcaggcc ctagctcaat ggccaatcag 3540
gctagaaact gggtacccgg gccttgctac cgtcagcagc gcgtctccac aaccaccaac 3600
caaaataaca acagcaactt tgcgtggacg ggagctgcta aattcaagct gaacgggaga 3660
gactcgctaa tgaatcctgg cgtggctatg gcatcgcaca aagacgacga ggaccgcttc 3720
tttccatcaa gtggcgttct catatttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtcgac 3780
tacagccagg tgctgattac agatgaggaa gaaattaaag ccaccaaccc tgtagccaca 3840
gaggaatacg gagcagtggc catcaacaac caggccgcta acacgcaggc gcaaactgga 3900

cttgtgcata accagggagt tattcctggt atggtctggc agaaccggga cgtgtacctg 3960
cagggcccta tttgggctaa aatacctcac acagatggca actttcaccc gtctcctctg 4020
atgggtggat ttggactgaa acacccacct ccacagattc taattaaaaa tacaccagtg 4080
ccggcagatc ctcctcttac cttcaatcaa gccaagctga actctttcat cacgcagtac 4140
agcacgggac aagtcagcgt ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaagcgc 4200
tggaatccag agatccagta tacttcaaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct 4260
gtcaatacca aaggtgttta ctctgagcct cgccccattg gtactcgtta cctcacccgt 4320

aatttgtaat tgcctgttaa tcaataaacc ggttaattcg tttcagttga actttggtct 4380

ctgcg 4385

<210> 149

<211> 4382

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 149

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60

gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggtc ctgtattagc tgtcacgtga 120

gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagtgag 180

cgagcaggat ctccattttg accgcgaaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240

acgagattgt gatcaaggtg ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300

cttttgtgaa ctgggtggcc gagaaggaat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360

ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgtagcgc gacttcctgg 420

tccaatggcg ccgcgtgagt aaggccccgg aggccctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480

gcgagagcta ctttcacctg cacgttctgg tcgagaccac gggggtcaag tccatggtgc 540

taggccgctt cctgagtcag attcgggaga agctggtcca gaccatctac cgcgggatcg 600

agccgaccct gcccaactgg ttcgcggtga ccaagacgcg taatggcgcc ggcgggggga 660

acaaggtggt ggacgagtgc tacatcccca actacctcct gcccaagact cagcccgagc 720

tgcagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780

gcaaacggct cgtggcgcag cacctgaccc acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840

agaatctgaa ccccaattct gacgcgcccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgctaca 900

tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcatcacctc cgagaagcag tggatccagg 960

aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg 1020

ccgcgctgga caatgccggc aagatcatgg cgctgaccaa atccgcgccc gactacctgg 1080

taggcccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgcat ctaccgcatc ctgcagctca 1140

acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagttcg 1200

ggaaacgcaa caccatctgg ctgtttgggc cggccaccac gggaaagacc aacatcgcag 1260

aagccattgc ccacgccgtg cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380

aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt 1440

gcaagtcgtc cgcccagatc gaccccactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 1500

gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct tcgagcacca gcagcctctc caggaccgga 1560
tgtttaagtt cgaactcacc cgccgtctgg agcacgactt tggcaaggtg acaaagcagg 1620
aagtcaaaga gttcttccgc tgggccagtg atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680
acgtcagaaa gggcggagcc agcaaaagac ccgcccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740
ccaagcgggc ctgcccctca gtcgcggatc catcgacgtc agacgcggaa ggagctccgg 1800
tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860
tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920

gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccg gcgtgtcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980
agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040
cttgctcggc ctgcgatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100
tgacttaaac caggtatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc 2160
tctgagggca ttcgcgagtg gtgggacctg aaacctggag ccccgaaacc caaagccaac 2220
cagcaaaagc aggacgacgg ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc 2280
ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcgagcac 2340

gacaaggcct acgaccagca gctcaaagcg ggtgacaatc cgtacctgcg gtataaccac 2400
gccgacgccg agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460
cgagcagtct tccaggccaa gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc 2520
gctaagacgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagcagt caccccaaga accagactca 2580
tcctcgggca tcggcaaatc aggccagcag cccgctaaaa agagactcaa ttttggtcag 2640
actggcgact cagagtcagt ccccgaccca caacctctcg gagaacctcc agaagccccc 2700
tcaggtctgg gacctaatac aatggcttca ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac 2760

gaaggcgccg acggagtggg taattcctcg ggaaattggc attgcgattc cacatggctg 2820
ggggacagag tcatcaccac cagcacccga acctgggcat tgcccaccta caacaaccac 2880
ctctacaagc aaatctccaa tggaacatcg ggaggaagca ccaacgacaa cacctacttt 2940
ggctacagca ccccctgggg gtattttgac ttcaacagat tccactgcca cttctcacca 3000
cgtgactggc agcgactcat caacaacaac tggggattcc ggccaaagag actcaacttc 3060
aagctgttca acatccaggt caaggaggtt acgacgaacg aaggcaccaa gaccatcgcc 3120
aataacctta ccagcaccgt ccaggtcttt acggactcgg agtaccagct accgtacgtc 3180

ctaggctctg cccaccaagg atgcctgcca ccgtttcctg cagacgtctt catggttcct 3240

cagtacggct acctgacgct caacaatgga agtcaagcgt taggacgttc ttctttctac 3300

tgtctggaat acttcccttc tcagatgctg agaaccggca acaactttca gttcagctac 3360

actttcgagg acgtgccttt ccacagcagc tacgcacaca gccagagtct agatcgactg 3420

atgaaccccc tcatcgacca gtacctatac tacctggtca gaacacagac aactggaact 3480

gggggaactc aaactttggc attcagccaa gcaggcccta gctcaatggc caatcaggct 3540

agaaactggg tacccgggcc ttgctaccgt cagcagcgcg tctccacaac caccaaccaa 3600

aataacaaca gcaactttgc gtggacggga gctgctaaat tcaagctgaa cgggagagac 3660

tcgctaatga atcctggcgt ggctatggca tcgcacaaag acgacgagga ccgcttcttt 3720

ccatcaagtg gcgttctcat atttggcaag caaggagccg ggaacgatgg agtcgactac 3780

agccaggtgc tgattacaga tgaggaagaa attaaagcca ccaaccctgt agccacagag 3840

gaatacggag cagtggccat caacaaccag gccgctaaca cgcaggcgca aactggactt 3900

gtgcataacc agggagttat tcctggtatg gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag 3960

ggccctattt gggctaaaat acctcacaca gatggcaact ttcacccgtc tcctctgatg 4020

ggtggatttg gactgaaaca cccacctcca cagattctaa ttaaaaatac accagtgccg 4080

gcagatcctc ctcttacctt caatcaagcc aagctgaact ctttcatcac gcagtacagc 4140

acgggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga aagaaaacag caagcgctgg 4200

aatccagaga tccagtatac ttcaaactac tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc 4260

aataccgaag gtgtttactc tgagcctcgc cccattggta ctcgttacct cacccgtaat 4320

ttgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt taattcgttt cagttgaact ttggtctctg 4380

cg 4382

<210> 150

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 150

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 151
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 9
<400> 151
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Glu Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 152
<211> 623
<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 152

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Arg Asn Leu Ile
35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu
85 90 95

Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110

Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile
165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys

260 265 270

Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser

275 280 285

Leu Pro Val Asp Ile Thr Gln Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Gln Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Lys Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala

515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Leu Gln Met

530 535 540

Leu Leu Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile

545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Ser Glu Cys Phe Pro Gly Val

565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Arg Lys Leu Cys

580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln

610 615 620

<210> 153

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 153

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 154

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 154

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 155

<211> 2460

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 155

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60

accagcaccc ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120

agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ttgggggtat 180

tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattcatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacactctc 300

tctgaaggaa tcagacagtg gtggaagctc aaacctggcc caccaccgcc gaaacctaac 360

caacaacacc gggacgacag taggggtctt gtgcttcctg ggtacaagta cctcggaccc 420

ttcaacggac tcgacaaagg agagccggtc aacgaggcag acgccgcggc cctcgagcac 480

gacaaagcct acgaccacca gctcaagcaa ggggacaacc cgtacctcaa atacaaccac 540

gcggacgctg aatttcagga gcgtcttcaa gaagatacgt ctttcggggg caacctcggg 600

cgagcagtct tccaggccaa aaagagggta ctcgagcctc ttggtctggt tgaggaagct 660

gttaagacgg ctcctggaaa aaagagacct atagagcagt ctcctgcaga accggactct 720

tcctcgggca tcggcaaatc aggccagcag cccgctaaga aaagactcaa ttttggtcag 780

actggcgaca cagagtcagt cccagaccct caaccaatcg gagaaccccc cgcagccccc 840

tctggtgtgg gatctaatac aatggcttca ggcggtgggg caccaatggc agacaataac 900

gaaggcgccg acggagtggg taattcctcg ggaaattggc attgcgattc cacatggatg 960

ggcgacagag ttatcaccac cagcacaaga acctgggccc tccccaccta caataatcac 1020

ctctacaagc aaatctccag cgaatcggga gccaccaacg acaaccacta cttcggctac 1080

agcacccccct gggggtattt tgactttaac agattccact gtcacttctc accacgtgac 1140

tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga tttagaccca agaaactcaa tttcaagctc 1200

ttcaacatcc aagtcaagga ggtcacgcag aatgatggaa ccacgaccat cgccaataac 1260

cttaccagca cggtgcaggt cttcacagac tctgagtacc agctgcccta cgtcctcggt 1320

tcggctcacc agggctgcct tccgccgttc ccagcagacg tcttcatgat tcctcagtac 1380

ggctacttga ctctgaacaa tggcagccaa gcggtaggac gttcttcatt ctactgtcta 1440

gagtattttc cctctcagat gctgaggacg ggaaacaact tcaccttcag ctacactttt 1500

gaagacgtgc ctttccacag cagctacgcg cacagccaga gtctggatcg gctgatgaat 1560
cctctcattg accagtacct gtattacctg agcaaaactc agggtacaag tggaacaacg 1620
cagcaatcga gactgcagtt cagccaagct gggcctagct ccatggctca gcaggccaaa 1680
aactggctac cgggacccag ctaccgacag cagcgaatgt ctaagacggc taatgacaac 1740
aacaacagtg aatttgcttg gactgcagcc accaaatatt acctgaatgg aagaaattct 1800
ctggtcaatc ccgggccccc aatggccagt cacaaggacg atgaggaaaa gtatttcccc 1860
atgcacggaa atctcatctt tggaaaacaa ggcacaggaa ctaccaatgt ggacattgaa 1920

tcagtgctta ttacagacga agaagaaatc agaacaacta atcctgtggc tacagaacaa 1980
tacggacagg ttgccaccaa ccatcagagt cagaacacca cagcttccta tggaagtgtg 2040
gacagccagg gaatcttacc tggaatggtg tggcaggacc gcgatgtcta tcttcaaggt 2100
cccatttggg ccaaaactcc tcacacggac ggacactttc atccttctcc gctcatggga 2160
ggctttggac tgaaacaccc tcctccccag atcctgatca aaaacacacc tgtgccagcg 2220
aatcccgcga ccactttcac tcctggaaag tttgcttcgt tcattaccca gtattccacc 2280
ggacaggtca gcgtggaaat agagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaac 2340

ccagaaattc agtacacctc caactacaac aagtcggtga atgtggagtt taccgtggac 2400
gcaaacggtg tttattctga accccgccct attggcactc gttaccttac ccggaacttg 2460
<210> 156
<211> 3123
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 156
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120
ctgccaaagc cattctgggt ggaggcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180
cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300
aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360
ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420
gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480
gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600
aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720
aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780
tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840
gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900
tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960
agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020
ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140
gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200
aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260
aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320
tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380
gtcccaggcc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440
acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560
accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620
agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680
tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800
gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cgcggtgcag 1860
gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980
aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040
atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100
agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160
ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220
ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400
ccagtggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460
tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520
gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580
aaccatcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640
cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700
cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820
actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca cctgacaggt cagcgtggaa 2880
atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940
tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000
gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060
taagccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttcgtttaaa 3120
cct 3123

<210> 157
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 157
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Gly Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Ala Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Val Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 158

<211> 3123

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 158

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcgggca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600
aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660
tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720
aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagaaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780
tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840
gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900
tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020
ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080
cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140
gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200
aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260
aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcgaa 1320
tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440
acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacgata acgaaggcgc cgacggagtg 1500
ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560
accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620
agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680
tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860
gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920
cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980
aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040
atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100
agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160
ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccatcaga gtcaggacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttcgcggccg 3120

cta 3123

<210> 159

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 159

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Glu Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asp Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asp Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 160

<211> 3113

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 160

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480
gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540
ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600
aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660
tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgttcctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720
aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780
tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900
tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960
agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020
ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080
cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140
gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200
aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320
tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380
gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440
acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500
ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560
accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620
agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaat 1740
aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800
gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860
gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920
cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980
aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040
atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160
ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220
ttcaaccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacccgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacgac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccgtcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccggaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 161

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 161

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Asn Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Pro Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn Arg Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 162
<211> 3122
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 162
agcggccgcg aattcgccct ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgaa aactttccct 60
tcaacgattg cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggaaagatg accgccaagg 120
tcgtggaatc tgccaaagcc attctgggtg gaagcaaggt tcgtgtggac cagaaatgca 180
ggtcttcggc ccagatcgac ccgactccgg tgattgtcac ctctaacacc aacatgtgcg 240
ccgtgattga cggaaactcg accaccttcg agcaccagca gccgttgcaa gaccggatgt 300
tcaaatttga acttacccgc cgtttggatc atgactttgg gaaggtcacc aagcaggaag 360

tcaaagactt tttccggtgg gctcaagatc acgtgactga ggtggagcat gagttctacg 420
tcaaaaaggg tggagccaag aaaaggcccg cccccgatga tgtatatata aatgagccca 480

agcgggcgcg cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgataaact 540
acgcggacag gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgtggg catgaatctg atgctgtttc 600
cctgtcgaca atgcgaaaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcaca cacgggcaaa 660
aagactgttt ggaatgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcagaaaaa 720
cgtatcagaa actttgttac attcatcata tcatgggaaa agtaccagac gcctgcactg 780

cctgcgacct ggtaaatgtg gacttggatg actgtatttc tgagcaataa atgacttaaa 840
tcaggtatgg ctgctgacgg ttatcttcca gattggctcg aggacactct ctctgaagga 900
atcagacagt ggtggaagct caaacctggc ccaccaccgc cgaaacctaa ccaacaacac 960
cgggacgaca gtaggggtct tgtgcttcct gggtacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020
ctcgacaaag gagagccggt caacgaggca gacgccgcgg ccctcgagca cgacaaagcc 1080
tacgaccacc agctcaagca aggggacaac ccgtacctca aatacaacca cgcggacgct 1140
gaatttcagg agcgtcttca agaagatacg tctttcgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200

ttccaggcca aaaagagggt actcgagcct cttggtctgg ttgaggaagc tgttaagacg 1260
gctcctggaa aaaagagacc tatagagcag tctcctgcag aaccggactc ttcctcgggc 1320
atcggcaaat caggccagca gcccgctaag aaaagactca attttggtca gactggcgac 1380
acagagtcag tcccagaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcagcccc ctctggtgtg 1440
ggatctaata caatggcttc aggcggtggg gcaccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtaattcctc gggaaattgg cattgcgatt ccacatggat gggcgacaga 1560
gttatcacca ccagcacaag aacctgggcc ctccccacct acaataatcg cctctacaag 1620

caaatctcca gcgaatcggg agccaccaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 1680
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 1740
ctcatcaaca acaactgggg atttagaccc aagaaactca atttcaagct cttcaacatc 1800
caagtcaagg aggtcacgca gaatgatgga accacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1860
acggtgcagg tcttcacaga ctctgagtac cagctgccct acgtcctcgg ttcggctcac 1920
cagggctgcc ttccgccgtt cccagcagac gtcttcatga ttcctcagta cggctacttg 1980
actctgaaca atggcagcca agcggtagga cgttcttcat tctactgtct agagtatttt 2040

ccctctcaga tgctgaggac gggaaacaac ttcaccttca gctacacttt tgaagacgtg 2100
cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtctggatc ggctgatgaa tcctctcatt 2160
gaccagtacc tgtattacct gagcaaaact cagggtacaa gtggaacaac gcagcaatcg 2220
agactgcagt tcagccaagc tgggcctagc tccatggctc agcaggccaa aaactggcta 2280
ccgggaccca gctaccgaca gcagcgaatg tctaagacgg ctaatgacaa caacaacagt 2340

gaatttgctt ggactgcagc caccaaatat tacctgaatg gaagaaattc tctggtcaat 2400

cccgggcccc caatggccag tcacaaggac gatgaggaaa agtatttccc catgcacgga 2460

aatctcatct ttggaaaaca aggcacagga actaccaatg tggacattga atcagtgctt 2520

attacagacg aagaagaaat cagaacaact aatcctgtgg ctacagaaca atacggacag 2580

gttgccacca accatcagag tcagaacacc acagcttcct atggaagtgt ggacagccag 2640

ggaatcttac ctggaatggt gtggcaggac cgcgatgtct atcttcaagg tcccatttgg 2700

gccaaaactc ctcacacgga cggacacttt catccttctc cgctcatggg aggctttgga 2760

ctgaaacacc ctcctcccca gatcctgatc aaaaacacac ctgtgccagc gaatcccgcg 2820

accactttca ctcctggaaa gtttgcttcg ttcattaccc agtattccac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tagagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa cccagaaatt 2940

cagtacacct ccaactacaa caagtcggtg aatgtggagt ttaccgtgga cgcaaacggt 3000

gtttattctg aaccccgccc tattggcact cgttacctta cccggaactt gtaatttcct 3060

gttaatgaat aaaccgattt atgcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 163

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 163

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 164
<211> 3121
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 164
gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60
acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgggtgccga tggggcgagg ctcagaataa 120
gtgccatctg tgttaacagc aaagtccaca tttgtagatt tgtagtagtt ggaagtgtat 180
tgaatctctg ggttccagcg tttgctgttt tctttctgca gctcccattc aatttccacg 240

ctgacctgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aacgacgcca gcttagcttg actgaaggta 300
gttggaggat ccgcgggaac aggtgtattc ttaatcagga tctgaggagg cgggtgtttc 360
agtccaaagc cccccatcag cggcgaggga tgaaagtttc cgtccgtgtg aggaatcttg 420
gcccagatag gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggtaaggct 480
ccttgactgt tgacggcccc tacaatagga gcggcgtttt gctgttgcag gttatcggcc 540

accacgccgt actgttctgt ggccactggg ttggtggttt taatttcttc ctcactggtt 600
agcataacgc tgctatagtc cacgttgcct tttccagctc cctgtttccc aaacattaag 660

actccgctgg acggaaaaaa tcgctcttcg tcgtccttgt gggttgccat agcgacaccg 720
ggatttacca gagagtctct gccattcaga tgatacttgg tggcaccggt ccaggcaaag 780
ttgctgttgt tattttgcga cagtgtcgtg gagacgcgtt gctgccggta gcagggcccg 840
ggtagccagt ttttggcctg agccgacatg ttattaggcc cggcctgaga aaatagcaac 900
tgctgagttc ctgcggtacc tcccgtggac tgagtccgag acaggtagta caggtactgg 960
tcgatgaggg ggttcatcag ccggtccagg ctttggctgt gcgcgtagct gctgtgaaaa 1020
ggcacgtcct caaactggta gctgaactca aagttgttgc ccgttctcag catttgagaa 1080

ggaaagtact ccaggcagta gaaggaggaa cggcccacgg cctgactgcc attgttcaga 1140
gtcaggtacc cgtactgagg aatcatgaag acgtccgccg ggaacggagg caggcagccc 1200
tggcgcgcag agccgaggac gtacgggagc tggtattccg agtccgtaaa gacctgaatc 1260
gtgctggtaa ggttattggc gatggtcttg gtgccttcat tctgcgtgac ctccttgacc 1320
tggatgttga agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga atccccagtt gttgttgatg 1380
agtcgctgcc agtcacgtgg tgagaagtgg cagtggaatc tgttaaagtc aaaatacccc 1440
caggggggtgc tgtagccgaa gtaggtgttg tcgttggtgc ttcctcccga agtcccgttg 1500

gagatttgct tgtagaggtg gttgttgtag gtggggaggg cccaggttcg ggtgctggtg 1560
gtgatgactc tgtcgcccag ccatgtggaa tcgcaatgcc aatttcctga ggaactaccc 1620
actccgtcgg cgccttcgtt attgtctgcc attggagcgc caccgcctgc agccattgta 1680
ccagatccca gaccagaggg gcctgcgggg ggttctccga ttggttgagg gtcgggcact 1740
gactctgagt cgccagtctg cccaaagttg agtctctttt tcgcgggctg ctggcctttc 1800
ttgccgatgc ccgtagtgga gtctggagaa cgctggggtg atggctctac cggtctcttc 1860
tttccaggag ccgtcttagc gccttcctca accagaccga gaggttcgag aacccgcttc 1920

ttggcctgga agactgctcg tccgaggttg cccccaaaag acgtatcttc ttgcagacgc 1980
tcctgaaact cggcgtcggc gtggttatac cgcaggtacg gattgtcacc cgctttgagc 2040
tgctggtcgt aggccttgtc gtgctcgagg gccgctgcgt ccgccgcgtt gacgggctcc 2100
cccttgtcga gtccgttgaa gggtccgagg tacttgtagc caggaagcac cagaccccgg 2160
ccgtcgtcct gcttttgctg gttggctttg ggcttcgggg ctccaggttt cagcgcccac 2220
cactcgcgaa tgccctcaga gaggttgtcc tcgagccaat ctggaagata accatcggca 2280

gccatacctg atctaaatca tttattgttc aaagatgcag tcatccaaat ccacattgac 2340

cagatcgcag gcagtgcaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa tgtagcacag 2400
tttctgatac gccttttga cgacagaaac gggttgagat tctgacacgg gaaagcactc 2460
taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca ttctctcgca 2520
ttgtctgcag ggaaacagca tcagattcat gcccacgtga cgagaacatt tgttttggta 2580
cctgtccgcg tagttgatcg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg caactgactc 2640
gcgcacccgt ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt tcttggctcc 2700
accctttttg acgtagaatt catgctccac ctcaaccacg tgatcctttg cccaccggaa 2760

aaagtctttg acttcctgct tggtgacctt cccaaagtca tgatccagac ggcgggtgag 2820
ttcaaatttg aacatccggt cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg ttgagttccc 2880
gtcaatcacg gcgcacatgt tggtgttgga ggtgacgatc acgggagtcg ggtctatctg 2940
ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgcg caccttgctt cctccgagaa tggctttggc 3000
cgactccacg accttggcgg tcatcttccc ctcctcccac cagatcacca tcttgtcgac 3060
acagtcgttg aagggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagccgtaga agggcgaatt 3120
c 3121

<210> 165
<211> 733
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 165
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Leu
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe His Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser

180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala

195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Gly Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 166

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 166

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 167
<211> 3127
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 167
gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60
attgattaac atgcaattac agattacggg tgaggtaacg agtgccaata gggcgaggct 120
cagagtaaac accctggctg tcaacggcaa agtccacacc agtctgcttt tcaaagttgg 180
aggtgtactg aatctccggg tcccagcgct tgctgttttc cttctgcagc tcccactcga 240

tttccacgct gacttgtccg gtgctgtact gtgtgatgaa cgaagcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc cggaggatta gcgggaacgg gagtgttctt gatcaggatc tgaggaggcg 360
gatgtttaag tccaaagccg cccatcaaag gagacgggtg aaagttgcca tccgtgtgag 420
gaatcttggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccag 480
gtaaggctcc ctggttgttg acaacttgtg tctgggctgc agtattagcc gcttgtaagt 540
tgctgctgac tatcccgtat tcttccgtgg ctacaggatt agtaggacga atttcttctt 600
catttgtcat taacacattt tccaatgtag ttttgttagt tgctccagtt tttccaaaaa 660
tcaggactcc gctggatggg aaaaagcggt cctcgtcgtc cttgtgagtt gccatggcga 720

cgccgggatt aaccaacgag tttctgccgt tcaggtgata tttggtggca ccagtccaag 780
caaagttgct gttgttgttt tgatccagcg ttttggagac cctttgttgc cggaagcagg 840
gtccaggtaa ccaattcttg gcttgttcgg ccatagttga aggcccgccc tggtaaaact 900
gcagttcccg attgccagct gtgcctcctg ggtcactctg tgttctggcc aggtagtaca 960
agtactggtc gatgagggga ttcatcagcc ggtccaggct ctggctgtgt gcgtagctgc 1020
tgtggaaagg cacgtcctcg aagctgtagc tgaactcaaa gttgttgccc gttctcagca 1080
tctgagaggg gaagtactcc aggcagtaga aggaggaacg tcccacagac tgactgccat 1140

tgttgagagt caggtagccg tactgaggaa tcatgaagac gtccgccggg aacggaggca 1200
ggcagccctg gtgcgcagag ccgaggacgt acggcagctg gtattccgag tccgagaata 1260
cctgaatcgt gctggtaagg ttattagcga tggtcgtaac gccgtcattc gtcgtgacct 1320
ccttgacctg gatgttgaag agcttgaacc gcagcttctt gggccggaat ccccagttgt 1380
tgttgatgag tcgctgccag tcacgtggtg agaagtggca gtggaatctg ttaaagtcaa 1440
aataccccca gggggtgctg tagccgaagt aggtgttgtc gttggtacta cctgcagttt 1500
cactggagat ttgctcgtag aggtggttgt tgtaggtggg cagggcccag gttcgggtgc 1560

tggtggtaat gactctgtcg cccagccatg tggaatcgca atgccaattt cctgaggcat 1620
tacccactcc gtcggcacct tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca 1680
ctgtaccaga tcccacacta gagggcgctg ctggaggttc tccgagaggt tgagggtcgg 1740
ggactgactc tgagtcgcca gtctgaccga aattgagtct ctttctggcg ggctgctggc 1800
ccttcttgcc gatgcccgtg gaggagtcgg gggaacgctg aggtgacggc tctaccggtc 1860
tcttctttgc aggagccgtc ttagcgcctt cctcaaccag accgagaggt tcgagaaccc 1920
gcttcttggc ctggaagact gctcgcccga ggttgccccc aaatgacgta tcttcttgca 1980

gacgctcctg aaactcggcg tcggcgtggt tataccgcag gtacgggttg tcacccgcat 2040

tgagctgctg gtcgtaggcc ttgtcgtgct cgagggccgc tgcgtccgcc gcgttgacgg 2100

gctccccctt gtcgagtccg ttgaagggtc cgaggtactt gtagccagga agcaccagac 2160

cccggccgtt gtcctgcttt tgctggttgg ctttgggttt cggggctcca ggtttcaggt 2220

cccaccactc gcgaatgccc tcagagaggt tgtcctcgag ccaatctgga agataaccat 2280

cggcagccat acctgattta aatcatttat tgttcaaaga tgcagtcatc caaatccaca 2340

ttgaccagat cgcaggcagt gcaagcgtct ggcacctttc ccatgatatg atgaatgtag 2400

cacagtttct gatacgcctt tttgacgaca gaaacgggtt tagattctga cacgggaaag 2460

cactctaaac agtctttctg tccgtgagtg aagcagatat ttgaattctg attcattctc 2520

tcgcattgtc tgcagggaaa cagcatcaga ttcatgccca cgtgacgaga acatttgttt 2580

tggtacctgt ctgcgtagtt gatcgaagct tccgcgtctg acgtcgatgg ctgcgcaact 2640

gactcgcgca cccgtttggg ctcacttata tctgcgtcac tgggggcggg tcttttcttg 2700

gctccaccct ttttgacgta gaattcatgc tccacctcaa ccacgtaatc ctttgcccac 2760

cggaaaaagt ctttgacttc ctgcttggtg accttcccaa agtcatgatc cagacggcgg 2820

gtgagttcaa atttgaacat ccggtcttgc aacggctgct ggtgttcgaa ggtcgttgag 2880

ttcccgtcga tcacggcgca catgttggtg ttggagatga cgatcgcggg agtcgggtct 2940

atctgggccg aggacttgca tttctggtcc acgcgcacct tgcttcctcc gagaatggct 3000

ttggccgact ccacgacctt ggcggtcatc ttcccctcct cccaccagat caccatcttg 3060

tcgacacagt cgttgaaggg aaagttctca ttggtccagt tgacgcagcc gtagaaaggg 3120

cgaattc 3127

<210> 168

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 168

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Arg Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Val Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Ser Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Val His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Cys Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 169

<211> 3106

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 169

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300
taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360
ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420
gaattttggc ccagatggga ccctgcaggc acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480
gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540
tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600
cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720
cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780
caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840
gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccatggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900
gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960
cgatgagggg attcatcagc cggtctaggc tctggctgtg cacatagctg ctgtggaaag 1020
gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140
tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200
ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260
tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320
ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380
gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440
agggggtgct gtagctgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560
ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620
cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680
ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740
agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800
tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcga 1860
cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtccccct gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtctgaggta cttgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgtcctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttgacca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc actctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga ttcgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ccccaccctt tctgacgtag 2700

aacccatgcg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaacct tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gttatgctcc agacggcggg tgggttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcctgca acggctgctg gtgctcgaag gtggcgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaggtgac ggtcacgggg gtggggtcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatct tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cggcgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 170

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 170

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Ser Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Cys Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Val
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Leu
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Arg Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Glu Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 171

<211> 3102

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 171

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300
taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360
ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420
gaatttcggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480
gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tccggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540
tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600
cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aggaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720
cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780
caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840
gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccacggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900
gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960
cgatgagggg attcatcagc cggtccaggc tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020
gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagcag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140
tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200
ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260
tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320
ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380
gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440
agggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560
ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620
cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680
ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740
agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800
tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccggaagcc gtcttagcgc 1860
cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtccccct gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtccgaggta cttgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgtcctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttgacca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaagc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag 2700

aactcatgcg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcttgta acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatct tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg aagggcgaat tc 3102

<210> 172

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 172

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160
Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 173

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 173

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 174

<211> 3106

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 174

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat cagccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaattttggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccatggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtccaggc tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttatcgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440

agggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560

ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620

cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740

agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg cggctggccg ttcttgccga 1800

tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcgc 1860

cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtccccct gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtccgaggta cctgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgccctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttggcca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca ggggaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag 2700

aactcatacg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcttgta acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatcc tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 175

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 175

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Met Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Gly Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Gly Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Leu Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 176
<211> 3098
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus

<400> 176

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagtaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acccccttcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180

tgaatctctg gattccagcg tttgctgttt tctttctgca gttcccactc gatctccacg 240

ctgacctggc cggtgctgta ctgcgtgata aatgaggcaa actaggcagg agtaaacacc 300

cctggaggat tagcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360

agtccaaatc cgcccatcag gggagacggg tgaaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480

ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt ccggccgtag acgattgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctcctc ctcgctggtc 600

attagcacgt tttccagcgt tgtcttgttg gcagcccccg ttttgccaaa aaccagcact 660

ccgttgatgg gaaagaactg gccctcgtcg tccttgttgg tggccatggc tacgcccggg 720

ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780

ctgttgttgt tgctgtctat gttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtccgggc 840

agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttgggcccag cctgatggaa ctgcagctcc 900

cttgtggacc ccgtagtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960

ggattcatca gccggtccag gctctggctg tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020

tcaaaggtgt agctgaattc aaagttattg cccgttctca gcatctgaga aggaaagtac 1080

tccaggcagt agaaggagga acgtcccata gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140

ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt aacgccgtcg ttcgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aacaacttga accgcagctt tctgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttgaagt caaaatagcc ccagggggtg 1440

ctgtagccga agaagtggtt gtcgttggta gccccgctct gacttgatat ctgcttgtag 1500

aggtggttgt tgtaggtggg cagggcccag gtgcgggtgc tggtggtgat gactctgtcg 1560

cccagccatg tggaatcgca atgccaattt ccggaggcat tacccactcc gtcggcgcct 1620

tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca ttgtaccaga tcccagacct 1680

gagggcgcgg cgggaggttc tccgagaggt tgggggtcgg gcactgactc tgagtcgcca 1740

gtctgcccaa agttgagctt ctttttagcg ggctgctggc ctttcttgcc gatgcccgtg 1800

gaggagtcgg gggattctat gggtctcttc tttccaggag ccgtcttagc gccttcctca 1860

accagaccga gaggttcgag aacccgcttc ttggcctgga agactgctcg cccgaggttg 1920

cccccaaaag acgtatcttc ttgaagacgc tcctgaaact cagcgtcggc gtggttgtac 1980

ttgaggtacg ggttgtcccc ctgctcgagc tgcttgtcgt aggccttgtc gtgctcgagg 2040

gccgcggcgt ctgcctcgtt gaccggctct cccttgtcga gtccgttgaa gggtccgagg 2100

tacttgtagc caggaagcac cagaccccgg ccgtcgtcct gcttttgctg gttggctttg 2160

ggtttcgggg ctccaggttt caagtcccac cactcgcgaa tgccctcaga gaggttgtcc 2220

tcgagccaat ctggaagata accatcggca gccatacctg gtttaagtca tttattgctc 2280

agaaacacag tcatccaggt ccacgttgac cagatcgcag gccgagcaag caatctcggg 2340

agcccgcccc agcagatgat gaatggcaca gagtttccga tacgtcctct ttctgacgac 2400

cggttgagat tctgacacgc cggggaaaca ttctgaacag tctctggtcc cgtgcgtgaa 2460

gcaaatgttg aaattctgat tcattctctc gcatgtcttg cagggaaaca gcatctgaag 2520

catgcccgcg tgacgagaac atttgttttg gtacctgtcg gcaaagtcca ccggagctcc 2580

ttccgcgtct gacgtcgatg gatccgcgac tgaggggcag gcccgcttgg gctcgctttt 2640

atccgcgtca tcgggggcgg gcctcttgtt ggctccaccc tttctgacgt agaactcatg 2700

cgccacctcg gtcacgtgat cctgcgccca gcggaagaac tctttgactt cctgctttgt 2760

caccttgcca aagtcctgct ccagacggcg ggtgagttca aatttgaaca tccggtcttg 2820

taacggctgc tggtgctcga aggtggtgct gttcccgtca atcacggcgc acatgttggt 2880

gttggaagtg acgatcacgg gggtgggatc gatctgggcg gacgacttgc acttttggtc 2940

cacgcgcacc ttgctgccgc cgagaatggc cttggcggac tccacgacct tggccgtcat 3000

cttgccctcc tcccaccaga tcaccatctt gtcgacgcaa tcgttgaagg gaaagttctc 3060

attggtccag ttgacgcagc cgtagaaagg gcgaattc 3098

<210> 177

<211> 2187

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 177

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgagggca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaacggccag 480
ccgcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540
ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660
tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720
cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780
ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840
aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900
ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960
acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080
ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140
cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200
acgggcgata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260
gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320
ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380
cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500
aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560
aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1620
gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680
accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740
gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800
aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920
atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980
tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040
aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100
aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2187

<210> 178

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 178

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 179
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 179
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 180
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 180
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725
<210> 181
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 181
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 182
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 182
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 183
<211> 2215
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 183
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020
accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140
acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200
ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260
cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320
gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440
ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ctgcggataa caacaacagt 1500
gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560
ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agttttttc ctcagagcgg 1620
ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat 1680
gattacagac gaagaggaaa tcaggacaac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc 1740
tgtatctacc aacctccaga gaggcaacag acaagcagct accgcagatg tcaacacaca 1800

aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg 1860
ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gtggattcgg 1920
acttaaacac cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgtacctg cggatcctcc 1980
gaccaccttc aaccagtcaa agctgaactc tttcatcacc cagtattcta ctggccaagt 2040

cagcgtggag atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga accccgagat 2100

ccagtacacc tccaactact acaaatctac aagtgtggac tttgctgtta atacagaagg 2160

cgtgtactct gaaccccgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaatc tgtaa 2215

<210> 184

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 184

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Lys Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala
580 585 590
Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 185

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 185

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Lys Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gly Asn Thr Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 186
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 186
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gly Asn Thr Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 187

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 187

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe

515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn

530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys

545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn

565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln

580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln

595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr

645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val

690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 188

<211> 3075

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 188

tgagaacttt cctttcaacg attgcgtcgg acaagatggt gatctggtgg gaggagggga 60

agatgaccgc caaggtcgtg gagtcggcca aagccattct tggaggaagc aaggtgcgtg 120

tggaccagaa atgcaagtcc tcggcccaga tagacccgac tcccgtgatc gtcacctcca 180

acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga actcaacgac cttcgagcac cagcagccgt 240

tgcaagaccg gatgttcaaa tttgaactta cccgccgtct ggatcatgac tttggaaagg 300

tcaccaagca ggaagtgaaa gactttttcc ggtgggcaaa ggatcacgtg gttgaggtgg 360

agcatgaatt ctacgtcaaa aagggtggag ctaagaaaag acccgccccc agtgacgcag 420

atataagtga gcccaaacgg gcgcgcgagt cagttgcgca gccatcaacg tcagacgcgg 480

aagcttcgat caactacgcg gacaggtacc aaaaacaaat gttctcgtca cgtgggcatg 540

aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga atcagaattc aaatatctgc 600

ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg tgtcagaatc tcaacccgtt 660

tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc atcatatcat gggaaaggtg 720

ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt tggatgactg catctctgaa 780

caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat cctccagatt ggctcgagga 840

cactctctct gaagggataa gacagtggtg gaagctcaaa cctggcccac caccaccaaa 900

gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg cttcctgggt acaagtacct 960

cggacccttc aacggactcg acaagggggga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct 1020

cgagcacgac aaggcctacg accggcagct cgacagcgga gacaacccgt acctcaagta 1080

caaccacgcc gacgcagagt ttcaggagcg ccttaaagaa gatacgtctt ttgggggcaa 1140

cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt gaacctctgg gcctggttga 1200

ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta gagcactctc ctgtggagcc 1260

agactcctcc tcgggaaccg gaaaagcggg ccagcggcct gcaagaaaaa gattaaattt 1320

tggtcagact ggagacgcag actccgtacc tgacccccag cctctcggac agccaccagc 1380

agccccctct ggtctgggat ctactacaat ggctacaggc agtggcgcac caatggcaga 1440

caataacgag ggtgccgatg gagtgggtaa ttcctcagga aattggcatt gcgattccca 1500

atggctgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacatacaa 1560

caaccacctc tacaagcaaa tctccagcca atcaggagcc agcaacgaca accactactt 1620

tggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttttcacc 1680

acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaaa gactcaactt 1740

caagctcttt aatattcaag tcaaagaggt cacgcagaat gacggtacga cgacgattgc 1800
caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg gagtaccagc tcccgtacgt 1860
cctgggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgtttcca gcggacgtct tcatggtccc 1920
acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggcg gtaggacgct cttcctttta 1980
ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtactgga aacaactttc agttcagcta 2040
cacttttgaa gacgtgcctt tccacagcag ctacgctcac agccagagtc tggatcggct 2100
gatgaatcct ctgatcgacc agtacctgta ttatctgaac aagacacaaa caaatagtgg 2160

aactcttcag cagtctcggc tactgtttag ccaagctgga ccaaccaaca tgtctcttca 2220
agctaaaaac tggctgcctg gaccttgcta cagacagcag cgtctgtcaa aacaggcaaa 2280
cgacaacaac aacagcaact ttccctggac tgcagctaca aagtatcatc taaatggccg 2340
ggactcgttg gttaatccag gaccagctat ggccagtcac aaggatgacg aagaaaagtt 2400
tttccccatg catggaaccc tgatatttgg taaacaagga acaaatgcca acgacgcgga 2460
tttggaaaat gtcatgatta cagatgaaga agaaatcagg gccaccaatc ccgtggctac 2520
ggagcagtac gggactgtgt caaataattt gcaaaactca aacactggtc caactactgg 2580

aactgtcaat cgccaaggag cgttacctgg tatggtgtgg caggatcgag acgtgtacct 2640
gcagggaccc atttgggcca agattcctca caccgatgga cactttcatc cttctccact 2700
gatgggaggt tttggactca aacacccgcc tcctcagatc atgatcaaaa acactcccgt 2760
tccagccaat cctcccacaa acttcagttc tgccaagttt gcttctttca tcacacagta 2820
ttccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2880
ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag tctgttaatg tggactttac 2940
tgtggacact aatggtgtgt attcagagcc tcgccccatt ggcaccagat acctgactcg 3000

taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc gtttcagttg aactttggtc 3060
tctgcgaagg gcgaa 3075
<210> 189
<211> 3142
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 189
aaaacgacgg gccagtgatt gtaatacgac tcactatagg gcgaaattga aattagcggc 60
cgcgaattcg cctttcgcag agaccaaagt tcaactgaaa cgaattaaac ggtttattga 120

ttaacaagca attacagatt acgagtcagg tatctggtgc caatggggcg aggctctgaa 180
tacacaccat tagtgtccac agtaaagtcc acattaacag acttgttgta gttggaagtg 240

tactgaattt cgggattcca gcgtttgctg ttctccttct gcagctccca ctcgatctcc 300
acgctgacct gtcccgtgga atactgtgtg atgaaagaag caaacttggc agaactgaag 360
tttgtgggag gattggctgg aacgggagtg tttttgatca tgatctgagg aggcgggtgt 420
ttgagtccaa aacctcccat cagtggagaa ggatgaaagt gtccatcggt gtgaggaatc 480
ttggcccaaa tgggtccctg caggtacacg tctcgatcct gccacaccat accaggtaac 540
gctccttggt gattgacagt tccagtagtt ggaccagtgt ttgagttttg caaattattt 600
gacacagtcc cgtactgctc cgtagccacg ggattggtgg ccctgatttc ttcttcatct 660

gtaatcatga cattttccaa atccgcgtcg ttggcatttg ttccttgttt accaaatatc 720
agggttccat gcatggggaa aaacttttct tcgtcatcct tgtgactggc catagctggt 780
cctggattaa ccaacgagtc ccggccattt agatgatact ttgtagctgc agtccaggga 840
aagttgctgt tgttgttgtc gtttgcctgt tttgacagac gctgctgtct gtagcaaggt 900
ccaggcagcc agtttttagc ttgaagagac atgttggttg gtccagcttg gctaaacagt 960
agccgagact gctgaagagt tccactattt gtttgtgtct tgttcagata atacaggtac 1020
tggtcgatca gaggattcat cagccgatcc agactctggc tgtgagcgta gctgctgtgg 1080

aaaggcacgt cttcaaaagt gtagctgaac tgaaagttgt ttccagtacg cagcatctga 1140
gaaggaaagt actccaggca gtaaaaggaa gagcgtccta ccgcctgact cccgttgttc 1200
agggtgaggt atccatactg tgggaccatg aagacgtccg ctggaaacgg cgggaggcat 1260
ccttgatgcg ccgagcccag gacgtacggg agctggtact ccgagtcagt aaacacctga 1320
accgtgctgg taaggttatt ggcaatcgtc gtcgtaccgt cattctgcgt gacctctttg 1380
acttgaatat taaagagctt gaagttgagt cttttgggcc ggaatccccg gttgttgttg 1440
acgagtcttt gccagtcacg tggtgaaaag tggcagtgga atctgttgaa gtcaaaatac 1500

ccccaggggg tgctgtagcc aaagtagtgg ttgtcgttgc tggctcctga ttggctggag 1560
atttgcttgt agaggtggtt gttgtatgtg ggcagggccc aggttcgggt gctggtggtg 1620
atgactctgt cgcccagcca ttgggaatcg caatgccaat ttcctgagga attacccact 1680
ccatcggcac cctcgttatt gtctgccatt ggtgcgccac tgcctgtagc cattgtagta 1740
gatcccagac cagagggggc tgctggtggc tgtccgagag gctgggggtc aggtacggag 1800
tctgcgtctc cagtctgacc aaaatttaat ctttttcttg caggctgctg gcccgctttt 1860

ccggttcccg aggaggagtc tggctccaca ggagagtgct ctaccggcct ctttttccc 1920

ggagccgtct taacaggctc ctcaaccagg cccagaggtt caagaaccct ctttttcgcc 1980
tggaagactg ctcgtccgag gttgcccccca aaagacgtat cttctttaag gcgctcctga 2040
aactctgcgt cggcgtggtt gtacttgagg tacgggttgt ctccgctgtc gagctgccgg 2100
tcgtaggcct tgtcgtgctc gagggccgcg gcgtctgcct cgttgaccgg ctcccccttg 2160
tcgagtccgt tgaagggtcc gaggtacttg tacccaggaa gcacaagacc cctgctgtcg 2220
tccttatgcc gctctgcggg ctttggtggt ggtgggccag gtttgagctt ccaccactgt 2280
cttattcctt cagagagagt gtcctcgagc caatctggaa gataaccatc ggcagccata 2340

cctgatttaa atcatttatt gttcagagat gcagtcatcc aaatccacat tgaccagatc 2400
gcaggcagtg caagcgtctg gcacctttcc catgatatga tgaatgtagc acagtttctg 2460
atacgccttt ttgacgacag aaacgggttg agattctgac acgggaaagc actctaaaca 2520
gtctttctgt ccgtgagtga agcagatatt tgaattctga ttcattctct cgcattgtct 2580
gcagggaaac agcatcagat tcatgcccac gtgacgagaa catttgtttt ggtacctgtc 2640
cgcgtagttg atcgaagctt ccgcgtctga cgtcgatggc tgcgcaactg actcgcgcgc 2700
ccgtttgggc tcacttatat ctgcgtcact gggggcgggt cttttcttag ctccaccctt 2760

tttgacgtag aattcatgct ccacctcaac cacgtgatcc tttgcccacc ggaaaaagtc 2820
tttcacttcc tgcttggtga cctttccaaa gtcatgatcc agacggcggg taagttcaaa 2880
tttgaacatc cggtcttgca acggctgctg gtgctcgaag gtcgttgagt tcccgtcaat 2940
cacggcgcac atgttggtgt tggaggtgac gatcacggga gtcgggtcta tctgggccga 3000
ggacttgcat ttctggtcca cacgcacctt gcttcctcca agaatggctt tggccgactc 3060
cacgaccttg gcggtcatct tcccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatg 3120
gtaaaaggaa agttctcatt gg 3142

<210> 190
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 190
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asp Lys Ala Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

<210> 191

<211> 740

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 191

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Leu Ala Ala Ala

740

<210> 192

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 192

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Met Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Ile Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730

<210> 193

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 193

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Glu Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730

<210> 194

<211> 739

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 194

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu
725 730 735
Leu Ala Ala

<210> 195
<211> 725
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 195
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro

725

<210> 196

<211> 707

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 196

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Cys Ile Tyr Gln Pro Pro Glu Arg Gln Gln Thr Ser Ser Tyr

580 585 590

Arg Arg Cys Gln His Thr Arg Arg Ser Ser Arg His Gly Leu Ala Gly

595 600 605

Gln Arg Cys Val Pro Ser Gly Ala His Leu Gly Lys Asp Ser Thr His

610 615 620

Gly Arg Thr Phe Ser Pro Leu Ser Pro His Gly Trp Ile Arg Thr Thr

625 630 635 640

Pro Ser Ser Thr Asp Ser His Gln Glu His Pro Gly Thr Cys Glu Ser

645 650 655

Phe Asp His Leu Gln Cys Gly Lys Val Cys Phe Leu His His Thr Val

660 665 670

Leu His Gly Thr Gly Gln Arg Gly Asp Arg Val Arg Ala Ala Glu Gly

675 680 685

Lys Gln Gln Thr Leu Glu Ser Arg Asn Ser Val His Phe Gln Leu Gln

690 695 700

Gln Val Cys

705

<210> 197

<211> 739

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 197

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Leu Ala Ala

<210> 198

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 198

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala

580 585 590

Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His His Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

Leu

<210> 199

<211> 741

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 199

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Leu Ala Asn His Asn
580 585 590
Asn Thr Thr Asn Ala Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln
595 600 605
Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln

610 615 620
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro
625 630 635 640
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
645 650 655
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser
660 665 670
Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

675 680 685
Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
690 695 700
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Ile Asn Val

705 710 715 720

Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile

725 730 735

Gly Thr Arg Tyr Leu

740

<210

> 200

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 200

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
725 730
<210> 201
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<220><221> MOD_RES
<222> (239)..(239)
<223> Any amino acid
<400> 201
Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Xaa Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
<210> 202
<211> 733
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 202
Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Leu Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730

<210> 203

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400

> 203

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Cys Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Asn Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser Arg
450 455 460
Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg Phe
565 570 575

Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala Thr
580 585 590
Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730
<210> 204
<211> 734
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 204
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Ser Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Ile Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730

<210> 205

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 205

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Gly Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu
725 730 735
Arg Pro

<210> 206

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 206

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatgg cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg gcaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga cgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 207

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 207

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Gly Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Gly Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Thr Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 208
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 208
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc tcgcagagcg gcatcaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tctgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc acggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caaccttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

tacagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgcg gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 209

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 209

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Leu Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Leu Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Tyr Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Arg Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 210
<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 210

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcgtcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920
cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980
ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040
gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 211
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 211

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Arg Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 212

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 212

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcggt aggacgccct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtactggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380
ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440
ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500
ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560
ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tgggaccctg 1620
atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680
gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920
cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980
ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040
gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 213

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 213

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Pro Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 214

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 214

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacttg ggccctgccc acctacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctgc agggcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg ttgacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 215

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 215

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gly Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 216

<211> 3161

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 216

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

ccattcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcatgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgt ggaccagaaa 180

tgtaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc caagaaaaga cccgcccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgggtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat caaaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaggact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcaaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960
gcataaggac gacagcgggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020
cggactcgac aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agtacgacaa 1080
ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140
cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200
agtcttccag gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260
gacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaacagga aaagcgggcc agcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg 1380
agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440
tctgggaact aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500
cgccgacgga gtgggtaatt cctcgggaag ttggcattgc gattccacat ggatgggcga 1560
cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta 1620
caagcagatc tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac 1680
cccttggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800
cattcaagtc aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860
cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc ccggctcggc 1920
gcatcaagga tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata 1980
cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040
ctttccttct cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga 2100
tgttcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct 2160

catcgaccag tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca 2220
gtccaggctt cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg 2280
gcttcctgga ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa 2340
cagtgaatac tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt 2400
gaatccgggc ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag 2460
cggggttctc atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt 2520
catgattaca gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg 2580

ttctgtatct accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctactgcag atgtcaacac 2640
acaaggcgtt cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgcacctgc aggggcctat 2700
ctgggcaaag attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt 2760

tggacttaaa caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcaaatcc 2820

ttcgaccacc ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacagggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga 2940

gatccagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaaccctgca ggactagtcc ctttagtgag g 3161

<210> 217

<211> 3162

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 217

gaattgaatt tagcggccgc gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga 60

attaaacggt ttattgatta acaagcaatt acagattacg agtcaggtat ctggtgccaa 120

tggggcgagg ctctgaatac acgccattag tgtccacagt aaagtccaca ttaacagact 180

tgttgtagtt ggaagtgtac tgaatttcgg gattccagcg tttgctgttt tccttctgca 240

gctcccactc gatctccacg ctgacctgtc ccgtggagta ctgtgtgatg aaggaagcaa 300

actttgccgc actgaaggtg gtcgaaggat tcgcaggtac cggggtgttc ttgatgagaa 360

tctgtggagg agggtgttta agtccgaatc cacccatgag gggagagggg tgaaaatgtc 420

cgtccgtgtg tggaatcttt gcccagatgg gcccctgaag gtacacatct ctgtcctgcc 480

agaccatgcc tggaagaacg ccttgtgtgt tgacatctgc ggtagctgct tgtctgttgc 540

ctctctggag gttggtagat acagaaccgt actgctccgt agccacggga ttggttgtcc 600

tgatttcctc ttcgtctgta atcatgacct tttcaatgtc cacatttgtt ttctctgagc 660

cttgcttccc aaagatgaga accccgctct gaggaaaaaa cttttcttca ttgtccttgt 720

ggcttgccat ggccgggccc ggattcacca gagagtctct gccattgagg tggtacttgg 780

tagctccagt ccacgagtat tcactgttgt tgttatccgc agatgtcttt gatactcgct 840

gctggcggta acagggtcca ggaagccagt tcctagactg gtcccgaatg tcactcgctc 900

cggcctgaga aaactgaagc cttgactgcg tggtggttcc acttggagtg tttgttgtgc 960

tcaagtaata caggtactgg tcgatgagag gattcatgag acggtccaga ctctggctgt 1020

gagcgtagcc gctgtggaaa ggaacgtcct caaaagtgta gctgaaggta aagttgtttc 1080

cggtacgcag catctgagaa ggaaagtact ccaggcagta aaatgaagag cgtcctactg 1140

cctgactccc gttgttcagg gtgaggtatc catactgtgg caccatgaag acgtctgctg 1200
ggaacggcgg gaggcatcct tgatgcgccg agccgaggac gtacgggagc tggtactccg 1260
agtcagtaaa cacctgaacc gtgctggtaa ggttattggc aatcgtcgtc gtaccgtcat 1320
tctgcgtgac ctctttgact tgaatgttaa agagcttgaa gttgagtctc ttgggtcgga 1380
atccccagtt gttgttgatg agtctttgcc agtcacgtgg tgaaaagtgg cagtggaatc 1440

tgttgaagtc aaaatacccc caaggggtgc tgtagccaaa gtagtgattg tcgttcgagg 1500
ctcctgattg gctggaaatt tgtttgtaga ggtggttgtt gtaggtgggc agggcccagg 1560
ttcgggtgct ggtggtgatg actctgtcgc ccatccatgt ggaatcgcaa tgccaatttc 1620
ccgaggaatt acccactccg tcggcgccct cgttattgtc tgccattggt gcgccactgc 1680
ctgtagccat cgtattagtt cccagaccag agggggctgc tggtggctgt ccgagaggct 1740
gggggtcagg tactgagtct gcgtctccag tctgaccaaa attcaatctt tttcttgcag 1800
gctgctggcc cgcctttccg gttcccgagg aggagtctgg ctccacagga gagtgctcta 1860

ccggcctctt ttttcctgga gccgtcttga caggttcccc aaccaggccc agaggttcaa 1920
gaaccctctt tttcgcctgg aagactgctc gtccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt 1980
ctttaaggcg ctcctgaaac tccgcgtcgg cgtggttgta cttgaggtac gggttgtctc 2040
cgctgtcgag ctgccggtcg taggctttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt 2100
tgaccggctc tcccttgtcg agtccgttga agggtccgag gtacttgtac ccaggaagca 2160
caagacccct gctgtcgtcc ttatgccgct ctgcgggctt tggtggtggt gggccaggtt 2220
tgagcttcca ccactgtctt attccttcag agagagtgtc ctcgagccaa tctggaagat 2280

aaccatcggc agccatacct gatttaaatc atttattgtt caaagatgca gtcatccaaa 2340
tccacattga ccagatcgca ggcagtgcaa gcgtctggca cctttcccat gatatgatga 2400
atgtagcaca gtttctgata cgccttttg acgacagaaa cgggttgaga ttctgacacg 2460
ggaaagcact ctaaacagtc tttctgtccg tgagtgaagc agatatttga attctgattc 2520
attctctcgc attgtctgca gggaaacagc atcagattca tgcccacgtg acgagaacat 2580
ttgttttggt acctgtctgc gtagttgatc gaagcttccg cgtctgacgt cgatggctgc 2640
gcaactgact cgcgcacccg tttgggctca cttatatctg cgtcactggg ggcgggtctt 2700

ttcttggctc cacccttttt gacgtagaat tcatgctcca cctcaaccac gtgatccttt 2760
gcccaccgga aaaagtcttt gacttcctgc ttggtgacct tcccaaagtc atgatccaga 2820
cggcgggtga gttcaaattt gaacatccgg tcttgcaacg gctgctggtg ttcgaaggtc 2880
gttgagttcc cgtcaatcac ggcgcacatg ttggtgttgg aggtgacgat cacgggagtc 2940
gggtctatct gggccgagga cttgcatttc tggtccacgc gcaccttgct tcctccgaga 3000

atggctttgg ccgactccac gaccttggcg gtcatcttcc cctcctccca ccagatcacc 3060

atcttgtcga cacagtcgtt gaagggaaag ttctcattgg tccagttgac gcagcaaggg 3120

cgaattcgtt taaacctgca ggactagtcc ctttagtgag gg 3162

<210> 218

<211> 3164

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 218

gcgaattgaa tttagcggcc gcgaattcgc ccttcgcaga gaccaaagtt caactgaaac 60

gaattaaacg gtttattgat taacaagcaa ttacaaatta cgagtcaggt atctggtgcc 120

aatggggcga ggctctgaat acacgccatt agtgtccaca gtaaagtcca cattaacaga 180

cttgttgtag ttggaagtgt actgaatttc gggattccag cgtttgctgt tttccttctg 240

cagctcccac tcgatctcca cgctgacctg tcccgtggag tactgtgtga tgaaggaagc 300

aaactttgcc gcactgaagg tggtcgaagg attcgcaggt accggggtgt tcttgatgag 360

aatctgtgga ggagggtgtt taggtccgaa tccacccatg aggggagagg ggtgaaaatg 420

tccgtccgtg tgtggaatct ttgcccagat gggcccctga aggtacacat ctctgtcctg 480

ccagaccatg cctggaagaa cgccttgtgt gttgacatct gcggtagctg cttgtctgtt 540

gcctctctgg aggttggtag atacagaacc atactgctcc gtagccacgg gattggttgt 600

cctgatttcc tcttcgtctg taatcatgac cttttcaatg tccacatttg ttttctctga 660

gccttgcttc ccaaagatga gaaccccgct ctgaggaaaa aacttttctt cattgtcctt 720

gtggcttgcc atggccgggc ccggattcac cagagagtct ctgccattga ggtggtactt 780

ggtagctcca gtccacgagt attcactgtt gttgttatcc gcagatgtct ttgatactcg 840

ctgctggcgg taacagggtc caggaagcca gttcctagac tggtcccgaa tgtcactcgc 900

tccggcctga gaaaactgaa gccttgactg cgtggtggtt ccacttggag tgtttgttgt 960

gctcaagtaa tacaggtact ggtcgatgag aggattcatg agacggtcca gactctggct 1020

gtgagcgtag ctgctgtgga aaggaacgtc ctcaaaagtg tagctgaagg taaagttgtt 1080

tccggtacgc agcatctgag aaggaaagta ctccgggcag taaaatgaag agcgtcctac 1140

tgcctgactc ccgttgctca gggtgaggta tccatactgt ggcaccatga agacgtctgc 1200

tgggaacggc gggaggcatc cttgatgcgc cgagccgagg acgtacggga gctggtactc 1260

cgagtcagta aacacctgaa ccgtgctggt aaggttattg gcaatcgtcg tcgtaccgtc 1320

attctgcgtg acctctttga cttgaatgtt aaagagcttg aagttgagtc tcttgggtcg 1380

gaatccccag ttgttgttga tgagtctttg ccagtcacgt ggtgaaaagt ggcagtggaa 1440

tctgttgaag tcaaaatacc cccaaggggt gctgtagcca aagtagtgat tgtcgttcga 1500

ggctcctgat tggctggaaa tttgtctgta gaggtggttg ttgtaggtgg gcagggccca 1560

ggttcgggtg ctggtggtga tgactctgtc gcccatccat gtggaatcgc aatgccgatt 1620

tcccgaggaa ttacccactc cgtcggcgcc ctcgttattg tctgccattg gtgcgccact 1680

gcctgtagcc atcgtattag ttcccagacc agagggggct gctggtggct gtccgagagg 1740

ctgggggtca ggtactgagt ctgcgtctcc agtctgacca aaattcaatc tttttcttgc 1800

aggctgctgg cccgcctttc cggttcccga ggaggagtct ggctccacag gagagtgctc 1860

taccggcctc ttttttcccg gagccgtctt aacaggttcc ccaaccaggc ccagaggttc 1920

aagaaccctc tttttcgcct ggaagactgc tcgtccgagg ttgcccccaa aagacgtatc 1980

ttctttaagg cgctcctgaa actccgcgtc ggcgtggttg tacttgaggt acgggttgtc 2040

tccgctgtcg agctgccggt cgtaggcttt gtcgtgctcg agggccgcgg cgtctgcctc 2100

gttgaccggc tctcccttgt cgagtccgtt gaagggtccg aggtacttgt acccaggaag 2160

cacaagaccc ctgctgtcgt ccttatgccg ctctgcgggc tttggtggtg gtgggccagg 2220

tttgagcttc caccactgtc ttattccttc agagagagtg tcctcgagcc aatctggaag 2280

ataaccatcg gcagccatac ctgatttaaa tcatttattg ttcaaagatg cagtcatcca 2340

aatccacatt gaccagatcg caggcagtgc aagcgtctgg cacctttccc atgatatgat 2400

gaatgtagca cagtttctga tacgcctttt tgacgacaga aacgggttga gattctgaca 2460

cgggaaagca ctctaaacag tctttctgtc cgtgagtgaa gcagatattt gaattctgat 2520

tcattctctc gcattgtctg cagggaaaca gcatcagatt catgcccacg tgacgagaac 2580

atttgttttg gtacctgtct gcgtagttga tcgaagcttc cgcgtctgac gtcgatggct 2640

gcgcaactga ctcgcgcacc cgtttgggcc cacttatatc tgcgtcactg ggggcgggtc 2700

ttttcttggc tccacccttt ttgacgtaga attcatgctc cacctcaacc acgtgatcct 2760

ttgcccaccg gaaaaagtct ttgacttcct gcttggtgac cttcccaaag tcatgatcca 2820

gacggcgggt gagttcaaat ttgaacatcc ggtcttgcaa cggctgctgg tgttcgaagg 2880

tcgttgagtt cccgtcaatc acggcgcaca tgttggtgtt ggaggtgacg atcacgggag 2940

tcgggtctat ctgggccgag gacttgcatt tctggtccac gcgcaccttg cttcctccga 3000

gaatggcttt ggccgactcc acgaccttgg cggtcatctt cccctcctcc caccagatca 3060

ccatcttgtc gacacagtcg ttgaagggaa agttctcatt ggtccagttg acgcagcaag 3120

ggcgaattcg tttaaacctg caggactagt ccctttagtg aggg 3164

<210> 219

<211> 3163

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 219

accctcacta aagggactag tcctgcaggt ttaaacgaat tcgcccttgc tgcgtcaact 60

ggagcaatga gaactttccc ttcaacgact gtgtcgacaa gatggtgatt tggtgggagg 120

aggggaagat gaccgccaag gtcgtggagt cggccaaagc cattctcgga ggaagcaagg 180

tgcgcgtgga ccagaaatgc aagtcctcgg cccagataga tccgactccc gtgatcgtca 240

cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg acgggaactc aacgaccttc gaacaccagc 300

agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg aactcacccg ccgtctggat catgactttg 360

ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact ttttccggtg ggcaaaggat cacgtggttg 420

aggtggagca tggattctac gtcaaaaagg gtggagccaa gaaaagaccc gcccctagtg 480

acgcagatat aagtgagccc aaacgggtgc gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcgg 540

acgcggaagc ttcgatcaac tacgcggaca ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg 600

gcatgaatct gatgctgttt ccctgcagac aatgcgagag aatgaatcaa aattcaaata 660

tctgcttcac tcacggacag aaagactgtt tagagtgctt tcccgtgtca gaatctcaac 720

ctgtttctgt cgtcaaaaag gcgtatcaga aactgcgcta cattcatcat atcatgggaa 780

aggtgccaga cgcttgcact gcctgcgatc tggtcaatgt ggatttggat gactgcatct 840

ctgaacaata aatgatttaa atcaggtatg gctgccgatg gttatcttcc agattggctc 900

gaggacactc tctctgaagg aataagacag tggtggaagc tcaaacctgg cccaccacca 960

ccaaagcccg cagagcggca taaggacgac agcaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag 1020

tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg 1080

gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccgg cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc 1140

aagtacaacc acgccgacgc ggagtttcag gagcgtctta aagaagatac gtcttttggg 1200

ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcg aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg 1260

gttgaggaac ctgttaagac ggctccggga aaaaagaggc cggtagagca ctctcctgcg 1320

gagccagact cctcctcggg aaccggaaaa gcgggccagc agcctgcaag aaaaagactg 1380

aatttcggtc agactggaga cgcagactcc gtacctgacc cccagcctct cggacagcca 1440

ccagcagccc ccacaagttt gggatctact acaatggcta caggcagtgg cgcaccaatg 1500

gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg ggtaattcct caggaaattg gcattgcgat 1560

tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctgcccacc 1620

tacaacaacc acctttacaa gcaaatctcc agccaatcag gagcctcaaa cgacaaccac 1680

tactttggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttt 1740
tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gattccgacc caagagactc 1800
aacttcaagc tctttaacat tcaagtcaaa gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg 1860
attgccaata accttaccag cacggttcag gtgtttactg actcggagta ccagctcccg 1920
tacgtcctcg gctcggcgca tcaaggatgc ctcccgccgt ttccagcgga cgtcttcatg 1980
gtcccacagt atggatacct caccctgaac aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc 2040
ttttactgcc tggagtgctt tccttctcag atgctgcgta ctggaaacaa ctttcagttc 2100

agctacactt ttgaagacgt gcctttccac agcagctacg ctcacagcca gagtttggat 2160
cggctgatga atcctctgat cgaccagtac ctgtattatc taaacagaac acaaacagct 2220
agtggaactc agcagtctcg gctactgttt agccaagctg gacccacaag catgtctctt 2280
caagctaaaa actggctgcc tggaccgtgt tatcgccagc agcgtttgtc aaagcaggca 2340
aacgacaaca acaacagcaa ctttccctgg actggagcta ccaagtacca cctcaatggc 2400
agagactctt tggtgaaccc gggcccggcc atggccagcc acaaggacga tgaagaaaag 2460
tttttcccca tgcatggaac cctaatattt ggtaaagaag gaacaaatgc taccaacgcg 2520

gaattggaaa atgtcatgat tacagatgaa gaggaaatca ggaccaccaa tcccgtggct 2580
acagagcagt acggatatgt gtcaaataat ttgcaaaact caaatactgc tgcaagtact 2640
gaaactgtga atcaccaagg agcattacct ggtatggtgt ggcaggatcg agacgtgtac 2700
ctgcagggac ccatttgggc caagattcct cacaccgatg gacactttca tccttctcca 2760
ctgatgggag gttttggact caaacacccg cctcctcaga ttatgatcaa aaacactccc 2820
gttccagcca atcctcccac aaacttcagt tctgccaagt ttgcttcctt catcacacag 2880
tattccacgg gacaggtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga gaacagcaaa 2940

cgctggaatc ccgaaattca gtacacttcc aactacaaca aatctgttaa tgtggacttt 3000
actgtggaca ctaatggtgt gtattcagag cctcgcccca ttggcaccag atacctgact 3060
cgtaatctgt aattgcttgt taatcaataa accgtttaat tcgtttcagt tgaactttgg 3120
tctctgcgaa gggcgaattc gcggccgcta aattcaattc gcc 3163

<210> 220

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 220

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Tyr Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asp Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Leu Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asp Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Pro Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 221

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 221

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactctac 180

aagggagagc cggtcgacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctctgggc ttggttgggg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgaccggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg accaaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggcttggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactta tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccacctc ctcagatcat gattaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaggac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact ataacaaacc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 222

<211> 3161

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 222

cgaattgatt tagcggccgc gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga 60

attaaacggt ttattgatta acaagcaatt acagattacg agtcaggtat ctggtgccaa 120

tggggcgagg ctctgaatac acaccattag tgtccacagt aaagtccaca ttaacagatt 180

tgttgtagtt ggaagtgtac tggatctcgg gattccagcg tttgctgttc tccttctgta 240

gctcccactc gatctccacg ctgacccgcc ccgtggaata ctgtgtgatg aaggaagcaa 300

actttgccgc actgaaggtg gtcgaaggat tcgcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa 360

tctgtggagg agggtgttta agtccgaatc cgcccatgag gggagagggg tgaaaatgtc 420

cgtccgtgtg cggaatcttt gcccagatag gcccctgcag gtacacgtct ctgtcctgcc 480

agaccatgcc tggaagaacg ccttgtgtgt tgacatctgc agtagatgct tgtgtgttgc 540

cgctctggag gttggtagat acagaaccat actgctccgt ggccacggga ttggtggttc 600

tgatttcctc ttcgtctgta atcatgacct tttcaatgtc cacatttgtt ttctctgatc 660

cttgttttcc aaagatgaga accccgctct gaggaaaaaa cttttcttca tcgtccttgt 720

ggctggccat tgccgggccc ggattcacca gagagtctct gccattgagg tggtacttgg 780

tagctccaat ccacgagtat tcactgttgt tgttgtccgc agatgtcttt gatactcgct 840

gctggcggta acagggtcca ggaagccagt tcctagactg atcccgaatg tcactcgctc 900

cggcctgaga aaactgaagc ctggactgcg tggtggttcc gcttggagtg tttgttctgc 960

tcaagtaata caggtactgg tcgatgagag gattcatgag acggtccaaa ctctggctgt 1020
gagcgtagct gctgtggaaa ggaacatcct caaaggtgta gctgaaggta aagttgtttc 1080
cggtacgcag catctgagaa gggaagtact ccaggcagta aaatgaagag cgtcctactg 1140
cctgactccc gttgttcagg gtgaggtatc catactgtgg caccatgaag acgtctgctg 1200
ggaacggcgg gaggcatcct tgatgcgccg agccgaggac gtacgggagc tggtactccg 1260
agtcagtaaa cacctgaacc gtgctggtaa ggttattggc aatcgtcgtc gtaccatcat 1320
tctgcgtgac ctctctgact tgaatgttaa agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga 1380

atccccagtt gttgttgatg agtctttgcc agtcacgtgg tgaaaagtgg cagtggaatc 1440
tgttgaagtc aaaatacccc caaggggtgc tgtagccaaa gtagtggttg tcgttgctgg 1500
ctcctgattg gctggaaatc tgcttgtaca gatggttgtt gtaggtgggc agagcccagg 1560
ttcgggtgct ggtggtgatg actctgtcgc ccatccatgt ggaatcgcaa tgccaatttc 1620
ccgaggaatt acccactccg tcggcgccat cgttattgtc tgccattggt gcgccactgc 1680
ctgtagccat cgtattagtt cccagaccag agggggctgc tggtggctgt ccgagaggct 1740
gggggtcagg tacggagtct gcgtctccag tctgaccgaa attcaatctc tttcttgcag 1800

gctggttgcc cgcttttccg gttcccgagg aggagtctgg ctccacagga gagtgctcta 1860
ccggcctctt ttttcccgga gccgtcttaa caggctcctc aaccaggccc agaggttcaa 1920
gaaccctctt ttttgcctgg aagactgctc gtccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt 1980
ctttaaggcg ctcctgaaac tccgcgtcgg cgtggtcgta cttgaggtac gggttgtctc 2040
cgctgtcgag ctgccggtcg taggccttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt 2100
tgaccggctc tcccttgtcg agtccgttga agggtccgag gtacttgtac ccaggaagca 2160
caagacccct gctgtcgtcc ttatgccgct ctgcgggctt tggtggtggt gggccaggtt 2220

tgagcttcca ccactgtctt attccttcag agagagtgtc ctcgagccaa tctggaagat 2280
aaccatcggc agccatacct gatttaaatc atttattgtt cagagatgca gtcatccaaa 2340
tccacattga ccagatcgca ggcagtgcaa gcgtctggca cctttcccat gatatgatga 2400
atgtagcaaa gtttctgata cgccttttg acgacagaaa cgggttgaga ttctgacacg 2460
ggaaagcact ctaaacagtc tttctgtccg tgagtgaagc agatatttga attctgattc 2520
attctctcgc attgtctgca gggaaacagc atcagattca tgcccacgtg acgagaacat 2580
ttgttttggt acctgtccgc gtagttgatc gaagcttccg cgtctgacgt cgatggctgc 2640

gcaactgact cgcgcgcccg tttgggctca cttatatctg cgtcactggg ggcgggtctt 2700
ttcttggctc cacccttttt gacgtagaat tcatgctcca cctcaaccac gtgatccttt 2760
gcccaccgga aaaagtcttt cacttcctgc ttggtgacct tcccaaagtc atgatccaga 2820

cggcgggtta gttcaaattt gaacatccgg tcttgcaacg gctgctggtg ttcgaaggtc 2880

gttgagttcc cgtcaatcac ggcgcacatg ttggtgttgg aggtggcgat cacgggagtc 2940

gggtctatct gggccgagga cttgcacttt tggtccacgc gcaccttgct tcctccgaga 3000

atggcttcgg ccgattccac gaccttggcg gtcatctttc cctcctccca ccagatcacc 3060

atcttgtcga cacagtcgtt gaagggaaag ttctcattgg tccagttgac gcagcaaggg 3120

cgaattcgtt taaacctgca ggaactagtc ccttagtgag g 3161

<210> 223

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 223

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Tyr Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Gly Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asp Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 224

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 224

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccgccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactctac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccgg cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctctgggc ttggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg accaaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa cccttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aagactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactta tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccacctc ctcagatcat gattaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca agtcagcgta 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact ataacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 225

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 225

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Cys Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 226

<211> 2217

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 226

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctgc aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagacag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaaccccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcccgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaacggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgcggag aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcatagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cttggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacgcacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttga tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta taacaaatct gttaatgtgg actttactgt ggacactaat 2160

ggtgtgtatt cagagcctcg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 227

<211> 3167

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 227

attgaattta gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat 60

taaacggttt attgattaac aagcaattac agattacgag tcaggtacct ggtgccaatg 120

gggcgaggct ctgaatacac accattagtg tccacagtaa agtccacatt aacagatttg 180

ttgtagttgg aagtgtactg aatctcggga ttccagcgtt tgctgttctc cttctgcagc 240

tcccactcga tctccacgct gacctgcccc gtggagtact gtgtaatgaa ggaagcaaac 300

tttgccgcac tgaaggtagt cgaaggattc gcaggtaccg gggtgttctt gatgagaatc 360

tgcgggggag ggtgtttaag tccgaatccg cccatgaggg gagaggggtg aaaatgtccg 420

tccgtgtgtg gaatctttgc ccagatgggc ccctgcaggt acacgtctct gtcctgccac 480

accatgcctg gaagaacgcc ttgtgtgttg acatctgagg tagctgcttg tgtgttgccg 540

ctctggaggt tggtagatac agaaccatac tgctccgtag ccacgggatt ggtggtcctg 600

atttcctctt cgtctgtaat catgaccttt tcaatgtcca cattagtttt tcccgagtct 660

tgttttccaa agatgagaac cccgctctga ggaaaaaact tttcttcatc gtccttgtgg 720

ctggccatgg ccgggcccgg attcaccaga gagtctcttc cattaaggtg gtacttggta 780

gctccagtcc acgagtattc actgttgttg ttatccgcag atgtctttga tactcgctgc 840

tggcggtaac agggtccagg aagccagttc ctagactggt cccgaatgtc acttgctccg 900

gcctgagaaa actgaagcct tgactgcgtg gtggttccgc ttggagtgtt tgttctgctc 960

aagtaataca ggtactggtc gatgagagga ttcatgagac ggtccaaact ctggctgtgg 1020

gcgtagctgc tgtggaaagg aacgtcctca aaggtgtagc tgaaggtaaa gttgtttccg 1080

gtacgcagca tctgagaagg aaagtactcc aggcagtaaa atgaagagcg tcctactgcc 1140

tgactcccgt tgttcagggt gaggtatcca tactgtggca ccatgaagac gtctgctggg 1200
aacggcggga ggcatccttg atgcgccgag ccgaggacgt acgggagctg gtactccgag 1260
tcagtaaaca cctgaaccgt gctggtaagg ttattggcaa tcgtcgtcgt accgtcattc 1320
tgcgtgacct ccttgacttg aatgttaaag agcttgaagt tgagtctttt gggccggaat 1380
ccccaattgt tgttgatgag tctttgccag tcacgtggcg aaaagtggca gtggaatctg 1440

ttgaagtcaa aataccccca aggggtgctg tagccaaagt agtggttgtc gtttgaggct 1500
cctgattggc tggaaatctg cttgtagagg tggttgttgt aggtgggcag agcccaggtg 1560
cgggtgctgg tggtgatgac tctgtcgccc atccatgtgg aatcgcaatg ccaatttccc 1620
gaggaattac ccactccgtc ggcgccctcg ttattgtctg ccattggtgc gccactgcct 1680
gtagccatcg tattagttcc cagaccagag ggggctgctg gtggctgtcc gagaggctgg 1740
gggtcaggta cggagtctgc gtctccagtc tgaccgaaat tcaatctctt tcttgcaggc 1800
tgctggcccg cttttccggt tcccgaggag gagtctggct ccgcaggaga gtgctctacc 1860

ggcctctttt ttcccggagc cgtcttaaca ggttcctcaa ccaggcccag aggttcaaga 1920
accctctttt tcgcctggaa gactgctcgt ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct 1980
ttaagacgct cctggaactc cgcgtcggcg tggttgtact tggggtacgg gttgtctccg 2040
ctgtcgagct gccggtcgta ggccttgtcg tgctcgaggg ccgcggcgtc tgcctcgttg 2100
accggctctc ccttgtcgag tccgttgaag ggtccaaggt acttgtaccc aggaagcaca 2160
agacccctgc tgtcgtcctt atgccgctct gcgggctttg gtggtggtgg gccaggtttg 2220
agcttccacc actgtcttat tccttcagag agagtgtcct cgagccaatc tggaagataa 2280

ccatcggcag ccatacctga tttaaatcat ttattgttca gagatgcagt catccaaatc 2340
cacattgacc agatcgcaag cagtgcaagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat 2400
gtagcacagt ttctgatacg cctttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg 2460
aaagcactct aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat 2520
tctctcgcat tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt 2580
gttttggtac ctgtccgcgt agttgattga agcttccgcg tctgacgtcg atggctgcgc 2640
aactgactcg cgcgcccgtt tgggctcact tatatctgcg tcactggggg cgggtctttt 2700

tttggctcca cccttttga cgtagaattc atgctctacc tcaaccacgt gatcctttgc 2760
ccaccggaaa aagtctttga cttcctgctt ggtgaccttc ccaaagtcat gatccagacg 2820
gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggtcgt 2880
tgagttcccg tcaatcactg cgcacatgtt ggtgttggag gtgacaatca cgggagtcgg 2940
gtctatctgg gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgcttc ctccgagaat 3000

ggctttggcc gactccacga ccttggcggt catcttcccc tcctcccacc agatcaccat 3060

cttgtcgacg caatcattga aaggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agccgtagaa 3120

agggcgaatt cgtttaaacc tgcaggacta gtccctttag tgagggt 3167

<210> 228

<211> 3161

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 228

aattgaattt agcggccgcg aattcgccct tcgcagagac caaagttcaa ctgaaacgaa 60

ttaaacggtt tattgattaa caagcaatta cagattacga gtcaggtatc tggtgccaat 120

ggggcgaggc tctgaataca caccattagt gtccacagta aagtccacat taacagattt 180

gttgtagttg gaagtgtact gaatctcggg attccagcgt ttgctgttct ccttctgcag 240

ctcccactcg atctccacgc tgacctgccc cgtggagtac tgtgtaatga aggaagcaaa 300

ctttgccgca ctgaaggtag tcgaaggatt cgcaggtacc ggggtgttct tgatgagaat 360

ctgcggggga gggtgtttaa gtccgaatcc gcccatgagg ggagaggggt gaaaatgtcc 420

gtccgtgtgt ggaatctttg cccagatggg cccctgcagg tacacgtctc tgtcctgcca 480

caccatgcct ggaagaacgc cttgtgtgtt gacatctgag gtagctgctt gtgtgttgcc 540

gctctggagg ttggtagata cagaaccata ctgctccgta gccacgggat tggtggtcct 600

gatttcctct tcgtctgtaa tcatgacctt ttcaatgtcc acattagttt ttcccgagtc 660

ttgttttcca aagatgagaa ccccgctctg aggaaaaaac ttttcttcat cgtccttgtg 720

gctggccatg gccgggcccg gattcaccag agagtctctt ccattaaggt ggtacttggt 780

agctccagtc cacgagtatt cactgttgtt gttatccgca gatgtctttg atactcgctg 840

ctggcggtaa cagggtccag gaagccagtt cctagactgg tcccgaatgt cacttgctcc 900

ggcctgagaa aactgaagcc ttgactgcgt ggtggttccg cttggagtgt ttgttctgct 960

caagtaatac aggtactggt cgacgagagg attcatgaga cggtccaaac tctggctgtg 1020

ggcgtagctg ctgtggaaag gaacgtcctc aaaggtgtag ctgaaggtaa agttgtttcc 1080

ggtacgcagc atctgagaag gaaagtactc caggcagtaa aatgaagagc gtcctactgc 1140

ctgactcccg ttgttcaggg tgaggtatcc atactgtggc accatgaaga cgtctgctgg 1200

gaacggcggg aggcatcctt gatgcgccga gccgaggacg tacgggagct ggtactccga 1260

gtcagtaaac acctgaaccg tgctggtaag gttattggca atcgtcgtcg taccgtcatt 1320

ctgcgtgacc tccttgactt gaatgttaaa gagcttgaag ttgagtcttt tgggccggga 1380

tccccaattg ttgttgatga gtctttgcca gtcacgtggc gaaaagtggc agtggaatct 1440

gttgaagtca aaataccccc aaggggtgct gtagccaaag tagtggttgt cgtttgaggc 1500

tcctgattgg ctggaaatct gcctgtagag gtggttgttg taggtgggca gagcccaggt 1560

gcgggtgctg gtggtgatga ctctgtcgcc catccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc 1620

cgaggaatta cccactccgt cggcgccctc gttattgtct gccattggtg cgccactgcc 1680

tgtagccatc gtattagttc ccagaccaga gggggctgct ggtggctgtc cgagaggctg 1740

ggggtcaggt acggagtctg cgtctccagt ctgaccgaaa ttcaatctcc ttcttgcagg 1800

ctgctggccc gcttttccgg ttcccgagga ggagtctggc tccgcaagag agtgctctac 1860

cggcctcttt tttcccggag ccgtcttaac aggttcctca accaggccca gaggttcaag 1920

aaccctcttt ttcgcctgga agactgctcg tccgaggttg cccccaaaag acgtatcttc 1980

tttaagacgc tcctggaact ccgcgtcggc gtggttgtac ttgaggtacg ggttgtctcc 2040

gccgtcgagc tgccggtcgt aggccttgtc gtgctcgagg gccgcggcgt ctgcctcgtt 2100

gaccggctct cccttgtcga gtccgttgaa gggtccaagg tacttgtacc caggaagcac 2160

aagacccctg ctgtcgtcct tatgccgctc tgcgggcttt ggtggtggtg ggccaggttt 2220

gagcttccac cactgtctta ttccttcaga gagagtgtcc tcgagccaat ctggaagata 2280

accatcggca gccatacctg atttaaatca tttattgttc agagatgcag tcatccaaat 2340

ccacattgac cagatcgcaa gcagtgcaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa 2400

tgtagcacag tttctgatac gccttttga cgacagaaac gggttgagat tctgacacgg 2460

gaaagcactc taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca 2520

ttctctcgca ttgtctgcag ggaaacagca tcagattcat gcccacgtga cgagaacatt 2580

tgttttggta cctgtccgcg tagttgattg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg 2640

caactgactc gcgcgcccgt ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt 2700

ttttggctcc accctttttg acgtagaatt catgctctac ctcaaccacg tgatcctttg 2760

cccaccggaa aaagtctttg acttcctgct tggtgacctt cccaaagtca tgatccagac 2820

ggcgggtgag ttcaaatttg aacatccggt cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg 2880

ttgagttccc gtcaatcact gcgcacatgt tggtgttgga ggtgacaatc acgggagtcg 2940

ggtctatctg ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgcg caccttgctt cctccgagaa 3000

tggctttggc cgactccacg accttggcgg tcatcttccc ctcctcccac cagatcacca 3060

tcttgtcgac gcaatcattg aaaggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagcaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtgagg g 3161

<210> 229

<211> 3172

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 229

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtccgccaa ggccattctg ggtggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 180

tgcaagtcat cggcccagat cgaccccacg cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga tcgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcccct gcaggaccgc 300

atgttcaagt tcgagctcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gaccaagcag 360

gaagtcaaag agttcttccg ctgggctcag gatcacgtga ctgaggtggc gcatgagttc 420

tacgtcagaa agggcggagc caccaaaaga cccgccccca gtgacgcgga tataagcgag 480

cccaagcggg cctgcccctc agttgcggag ccatcgacgt cagacgcgga agcaccggtg 540

gactttgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg 600

tttccctgca agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acgtctgctt cacgcacggg 660

gtcagagact gctcagagtg cttccccggc gcgtcggaat ctcaacccgt cgtcagaaaa 720

aagacgtatc agaaactgtg cgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgcg 780

tgttcggcct gcgatctcgt caacgtggac ttggatgact gtgtttctga gcaataaatg 840

acttaaacca ggtatggctg ctgacggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc 900

tgagggcatt cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc cccaagccca aggccaacca 960

gcagaagcag gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt 1020

caacggactc gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga 1080

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 1140

cgacgccgag tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 1200

agcagtcttc caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaagctgc 1260

taagacggct cctggaaaga agagaccggt agaaccgtca cctcagcgtt cccccgactc 1320

ctccgcgggc atcggcaaga aaggccagca gcccgctaaa aagagactga actttggtca 1380

gactggcgac tcagagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc 1440

ctctggtctg ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa 1500

cgaaggcgcc gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct 1560

gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca 1620

cctctacaag caaatatcca atgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt 1680

cggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc 1740

acgtgactgg cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggccaaaaa gactcagctt 1800

caagctcttc aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcaccg agaccatcgc 1860

caataacctt accagcacga ttcaggtatt tacggactcg gaataccagc tgccgtacgt 1920

cctcggctcc gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc 1980

ccagtacggc taccttacac tgaacaatgg aagtcaagcc gtaggccgtt cctccttcta 2040

ctgcctggaa tattttccat ctcaaatgct gcgaactgga aacaattttg aattcagcta 2100

caccttcgag gacgtgcctt tccacagcag ctgcgcacac agccagagct cggaccgact 2160

gatgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ctacttatcc agaactcggt ccacaggagg 2220

aactcaaggt acccagcaat tgttattttc tcaagctggg cctgcaaaca tgtcggctca 2280

ggctaagaac tggctacctg gaccttgcta ccggcagcag cgagtctcta cgacactgtc 2340

gcaaaacaac aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaatatcacc tgaacggaag 2400

agactctttg gtaaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt 2460

cttcccgtcg agtggagtcc tgatgtttgg aaaacagggt gctggaagag acaatgtgga 2520

ctacagcagc gttatgctaa ccagcgaaga agaaattaaa accactaacc ctgtagccac 2580

agaacaatac ggtgtggtgg ctgacaactt gcagcaaacc aatacagggc ctattgtggg 2640

aaatgtcaac agccaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccgag acgtgtacct 2700

gcagggtccc atctgggcca agattcctca cacggacggc aacttccacc cttcaccgct 2760

aatgggagga tttggactga agcacccacc tcctcagatc ctgatcaaga acacgccggt 2820

acctgcggat cctccaacaa cgttcagcca ggcgaaattg gcttccttca ttacgcagta 2880

cagcaccgga caggtcagcg tggaaatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2940

ctggaaccca gagattcagt acacttcaaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc 3000

tgtcaataca gagggaactt attctgagcc tcgccccatt ggtactcgtt acctcacccg 3060

taatctgtaa ttgctggtta atcaataaac cgtttgattc gtttcagttg aactttggtc 3120

tctgcgaagg gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gg 3172

<210> 230

<211> 3172

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 230

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtccgccaa ggccattctg ggtggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 180

tgcaagtcat cggcccagat cgaccccacg cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga tcggcgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcccct gcaggaccgc 300

atgttcaagt tcgagctcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gaccaagcag 360

gaagtcaaag agttcttccg ctgggctcag gatcacgtga ctgaggtggc gcatgagttc 420

tacgtcagaa agggcggagc caccaaaaga cccgcccccа gtgacgcgga tataagcgag 480

cccaagcggg cctgcccctc agttgcggag ccatcgacgt cagacgcgga agcaccggtg 540

gactttgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg 600

tttccctgca agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acgtctgctt cacgcacggg 660

gtcagagact gctcagagtg cctccccggc gcgtcagaat ctcaacccgt cgtcagaaaa 720

aagacgtatc agaaactgtg cgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgcg 780

tgttcggcct gcgatctcgt caacgtggac ttggatgact gtgtttctga gcaataaatg 840

acttaaacca ggtatggctg ctgacggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc 900

tgagggcatt cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc cccaagccca aggccaacca 960

gcagaagcag gacgacggcc ggggtctggt gcttcttggc tacaagtacc tcggaccctt 1020

caacggactc gacaaggggg agcccgtcaa tgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga 1080

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 1140

cgacgccgag tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 1200

agcagtcttc caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaagctgc 1260

taagacggct cctggaaaga agagaccggt agaaccgtca cctcagcgtt cccccgactc 1320

ctccacgggc atcggcaaga aaggccagca gcccgctaaa aagagactga actttggtca 1380

gactggcgac tcagagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc 1440

ctctggtctg ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa 1500

cgaaggcgcc gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct 1560

gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca 1620

cctctacaag caaatatcca atgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt 1680

cggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc 1740

acgtgactgg cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggccaaaaa gactcagctt 1800

caagctcttc aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc 1860
caataacctt accagcacga ttcaggtatt tacggactcg gaataccagc tgccgtacgt 1920
cctcggctcc gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc 1980
ccagtacggc taccttacac tgaacaatgg aagtcaagcc gtaggccgtt cctccttcta 2040
ctgcctggaa tattttccat ctcaaatgct gcgaactgga aacaattttg aattcagcta 2100
caccttcgag gacgtgcctt tccacagcgg ctacgcacac agccagagct tggaccgact 2160
gatgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ctacttatcc agaactcagt ccacaggagg 2220

aactcaaggt acccagcaat tgttattttc tcaagctggg cctgcaaaca tgtcggctca 2280
ggctaagaac tggctacctg gaccttgcta ccggcagcag cgagtctcta cgacactgtc 2340
gcaaaacaac aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaatatcacc tgaacggaag 2400
agactctttg gtaaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt 2460
cttcccgtcg agtggagtcc tgatgtttgg aaaacagggt gctggaagag acaatgtgga 2520
ctacagcagc gttatgctaa ccagcgaaga agaaattaaa accactaacc ctgtagccac 2580
agaacaatac ggtgtggtgg ctgacaactt gcagcaaacc aatacagggc ctattgtggg 2640

aaatgtcaac agccaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccgag acgtgtacct 2700
gcagggtccc atctgggcca agattcctca cacggacggc aacttccacc cttcaccgct 2760
aatgggagga tttggactga agcacccacc tcctcagatc ctgatcaaga acacgccggt 2820
acctgcggat cctccaacga cgttcagcca ggcgaaattg gcttccttca ttacgcagta 2880
cagcaccgga caggtcagcg tggaaatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2940
ctggaaccca gagattcagt acacttcaaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc 3000
tgtcaataca gagggaactt attctgagcc tcgccccatt ggtactcgtt acctcacccg 3060

taatctgtaa ttgctggtta atcaataaac cgtttgattc gtttcagttg aactttggtc 3120
tctgcgaagg gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gg 3172
<210> 231
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 231
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg aaagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc gagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600
actacaatgg cttcaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacagct ggggattccg acccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta ccgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttt atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcccttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctgc tgaatcctct gatcgaccag 1320
tacctatatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380
ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440
ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560
ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620
atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680
gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740
aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca cggacgggca ctttcatcct tctccactaa tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcctacaaac 1980

ttcagttctt ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ccgactcgta atctgtaa 2208

<210> 232

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 232

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Glu Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Leu Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ser Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Pro Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 233

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 233

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggagaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gccagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggtattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260
catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctcg tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 234
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 234
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Glu Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp Tyr Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Val Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 235

<211> 2209

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 235

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga agggataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcggcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320
tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380
ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440
ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560
ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620
atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680
gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740
aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatcg ccaaggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaat 2209

<210> 236

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 236

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Arg Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn Arg Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 237

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 237

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgtcga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa ggcggctccg 420

ggagaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

cattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctccccccca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg cgccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 238

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 238

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Val

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Ala Ala Pro Gly Glu Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly His Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Pro Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Ala Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 239

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 239

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ccctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga taacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccggcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260
catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 240

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 240

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 241

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 241

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagacgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 242

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 242

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Gly Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Thr Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 243

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 243

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctgcaaca accatctgta caagcaaatc 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ttttccttct 1200
cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260
catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
acctacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc gggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 244

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 244

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Cys Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Tyr Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Arg Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 245

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 245

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ccctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga taacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccggcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 246

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 246

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 247

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 247

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

ggcagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctca acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420
ggaaaaaaga gaccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accacaagca ctcgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactattttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct ccctttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320
tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380
ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440
ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560
ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620
atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680
gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740
aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagat gtgtaccttc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagattat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcctacaaac 1980
ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacaataa tggcgtgtac 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 248

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 248

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Gly Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asn Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Pro Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 249

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 249

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac ccccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 250

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 250

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 251

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 251

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tatttcgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgccttccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacgg ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacgtt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

gtctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gcggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgt ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 252

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 252

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Gly Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Val Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Val Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Val Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 253

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 253

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga aactcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgagc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctccc gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt caggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctt 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtcgggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctac ttgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 254

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 254

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Ser Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Gln Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Gly Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Thr Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 255

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 255

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagggta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctt 1620
atctttggga agcaaggccc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctat ttgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 256
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 256

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Gly Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 257

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 257

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 258

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 258

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 259

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 259

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgcgg cctggtttga ggaaacctgt taagacggct 420

ccgggaaaaa agaggccggt agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctcgggaacc 480

ggaaaagcgg gccagcagcc tgcaagaaaa agattaaatt ttggtcagac tggagacgca 540

gactccgtac ctgaccccca gcctctcgga cagccaccag cagccccctc tggtctggga 600

tctactacaa tggctacagg cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctgga cgacagagtc 720

atcgccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacataca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ctgcaacgac aaccactact ttggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacagca actggggatt ccggcccaaa agactcaact tcaagctctt taatattcaa 960

gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg tcccgggctc ggcgcatcaa 1080

ggatgcctcc cgccgtttcc agcggacgtc ttcatggtcc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc ggtaggacgc tcttcctttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtactgg aaacaacttt cagttcagct acacttttga agacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgctca ctgccagagt ctggatcggc tgatgaatcc tctgatcgac 1320

cagtacctgt attatctgaa caagacacaa acaaatagtg gaactcttca gcagtctcgg 1380

ctactgttta gccaagctgg accaaccaac atgtctcttc aagctaaaaa ctggctgcct 1440

ggaccttgct acagacagca gcgtctgtca aaacaggcaa acgacaataa caactgcaac 1500

tttccctgga ctgcagctac aaagtatcat ctaaatggcc gggactcgtt ggttaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggatgac gaagaaaagt ttttccccat gcatggaacc 1620

ctgatatttg gtaaacaagg aacaaatgcc aacgacgcgg atttggaaaa tgtcatgatt 1680

acagatgaag aagaaatcag gcccaccaat cccgtggcta cggagcagta cgggactgtg 1740

tcaaataatt tgcaaaactc aaacactggt ccaactacag gaactgtcaa tcaccaagga 1800

gcgttacctg gtatggtgtg gcaggatcga gacgtgtacc tgcagggacc catttgggcc 1860

aagattcctc acaccgatgg acactttcat ccttctccac tgatgggagg ttttggactc 1920

aaacacccgc ctcctcagat catgatcaaa agcactcccg ttccagccaa tcctcccaca 1980

aacttcagtt ctgccaagtt tgcttcttcc atcacacagt attccacggg acaggtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggag aacagcaaac gctggaatcc cgaaattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtggacac taatggtgtg 2160

tattcagagc ctcgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 260

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 260

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Arg Pro Gly Leu Arg Lys Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140
Arg Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr
145 150 155 160
Gly Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro

180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Asp Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Ala Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Cys Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Cys Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys

435 440 445

Thr Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Cys Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Ser Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Ser Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 261

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 261

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcaaaaaaga gggttctgga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480
aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa cagctttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagttct ttcctcagag cggggttctt 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctat ttgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 262

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 262

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 263

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 263

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 264

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 264

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ser Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380
Gly Gly Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Ser Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 265

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 265

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtt cacagcccgc taaaaagaaa ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtccccg accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atgggagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gcgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc taatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gctttcaata aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagattg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 266

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 266

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ser Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 267

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 267

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cggcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 268
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 268
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Gly Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 269

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 269

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacgaga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 270

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 270

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Glu Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 271

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 271

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtaccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 272

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 272

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 273

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 273

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtactcga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagc aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc cgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 274

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 274

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Ala Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 275

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 275

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 276
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 276
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140
cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgttcggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccccg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 277

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 277

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Cys His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 278

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 278

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Arg
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Leu Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Ala Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Pro Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Arg Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Ala Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Ala Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 279

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 279

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcggac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtt 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt atcttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcgcc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagccgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctcg ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ctgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatcg cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgcgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 280

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 280

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcgtc 900

aacaacaacc ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 281

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 281

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Asn Arg
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 282

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 282

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Ser Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Ser Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 283

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 283

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgagct ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattctgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 284

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 284

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Pro Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Val Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 285

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 285

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ccggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgccacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccgtcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgttg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 286

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 286

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Ser Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Leu

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 287

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 287

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aagcaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggactt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 288

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 288

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Pro Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Val Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590
Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Ser Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 289

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 289

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Ser Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 290

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 290

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ccgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgcctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960
caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacaacca tcgctaataa ccttaccagc 1020
acggttcaag tcttctcgga ctcggagtac cagcttccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260
cctctccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctctcatc 1320
gtccaatacc tgtattacct gaacagaact caaaatcagt ccggaagtgc ccaaaacaag 1380
gacttgctgt tcagccgtgg gtctccagct ggcatgtctg ttcagcccaa aaactggcta 1440
cctggaccct gttatcggca gcagcgcgtt tctaaaacaa aaacagacaa caacaacagc 1500
aattttacct ggactggtgc ttcaaaatat aacctcaatg ggcgtgaatc catcatcaac 1560

cctggcactg ctatggcctc acacaaagac gacgaagaca agttctttcc catgagcggt 1620
gtcatgattt ttggaaaaga gagcgccgga gcttcaaaca ctgcattgga caatgtcatg 1680
attacagacg aagaggaaat taaagccact aaccctgtgg ccaccgaaag atttgggacc 1740
gtggcagtca atttccagag cagcagcaca gaccctgcga ccggagatgt gcatgctatg 1800
ggagcattac ctggcatggt gtggcaagat agagacgtgt acctgcaggg tcccatttgg 1860
gccaaaattc ctcacacaga tggacacttt cacccgtctc ctcttatggg cggctttgga 1920
ctcaagaacc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacacgc ctgttcctgc gaatcctccg 1980

gcggagtttt cagctacaaa gtttgcttca ttcatcaccc aatactccac aggacaagtg 2040

agtgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca agcgctggaa tcccgaagtg 2100

cagtacacat ccaattatgc aaaatctgcc agcgttgatt ttactgtgga caacaatgga 2160

ctttatactg agcctcgccc cattggcacc cgttacctta cccgtcccct gtaa 2214

<210> 291

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 291

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Pro Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 292

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 292

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcagacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctga gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagggccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacccgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaaggtaga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 293

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 293

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Pro Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 294

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 294

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 295
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 295

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 296

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 296

atggctgccg atggctatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatagggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata ccccaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccgtgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 297

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 297

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Pro Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Val Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 298

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 298

atggctgccg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgggc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actccccctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcactgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggccgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctctt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ctccacagca gctgcgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacagggac 1380

ttgctgttca gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccgcagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 299

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 299

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Pro Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Arg Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Ser Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Arg Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Ala Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 300

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 300

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Arg Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 301

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 301

atggctgccg atggctatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatagggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacagt cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctc 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 302

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 302

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Ser His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 303

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 303

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110
Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125
Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140
Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Gly Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445
Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 304

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 304

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Gly Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 305
<211> 2211
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 305
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtactt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacgg cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcgaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaacacaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcaccgctg tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaagcactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 306

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 306

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly

100 105 110

Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu

115 120 125

Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720
Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 307
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 307
Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu
1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys
20 25 30
Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu
35 40 45
Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu
50 55 60
Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr
65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His
85 90 95
Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110
Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125
Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445
Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 308

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 308

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly

100 105 110

Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu

115 120 125

Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Asn Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 309

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 309

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcaaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcgggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agtacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaacagga 480
aaagcgggcc agcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaag ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta caagcagatc 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc ccggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga tgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctactgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgcacctgc aggggcctat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcaaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacagggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 310

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 310

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Lys Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Gly Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu Tyr Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Ser Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val His Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 311

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 311

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcgcaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 312

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 312

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Arg Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 313

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 313

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgtcaa gacggctcca 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcggct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtacgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 314

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 314

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Gly Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 315

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 315

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa tcggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta cagacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

agcaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcccggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacctaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atttgtaa 2208

<210> 316

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 316

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Arg His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Arg Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Pro Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 317

<211> 2205

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 317

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ctgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcagacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accaccttta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctaaacag aacacaaaca gctagtggaa ctcagcagtc tcggctactg 1380

tttagccaag ctggacccac aagcatgtct cttcaagcta aaaactggct gcctggaccg 1440

tgttatcgcc agcagcgttt gtcaaagcag gcaaacgaca acaacaacag caactttccc 1500

tggactggag ctaccaagta ctacctcaat ggcagagact ctttggtgaa cccgggcccg 1560

gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttcc ccatgcatgg aaccctaata 1620

tttggtaaag aaggaacaaa tgctaccaac gcggaattgg aaaatgtcat gattacagat 1680

gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacagagc agtacggata tgtgtcaaat 1740

aatttgcaaa actcaaatac tgctgcaagt actgaaactg tgaatcacca aggagcatta 1800

cctggtatgg tgtggcagga tcgagacgtg tacctgcagg gacccatttg ggccaagatt 1860

cctcacaccg atggacactt tcatccttct ccactgatgg gaggttttgg actcaaacac 1920

ccgcctcctc agattatgat caaaaacact cccgttccag ccaatcctcc cacaaacttc 1980

agttctgcca agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cgggacaggt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat tcagtacact 2100

tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg tgtgtattca 2160

gagcctcgcc ccattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaa 2205

<210> 318

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 318

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Arg Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp

515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu

530 535 540

Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu

580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 319

<211> 3160

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 319

accttcact aaagggacta gtcctgcagg tttaaacgaa ttcgcccttg ctgcgtcaac 60

tggaccaatg agaactttcc cttcaacgac tgtgtcgaca agatggtgat ttggtgggag 120

gaggggaaga tgaccgccaa ggtcgtggag tcggccaaag ccattctcgg aggaagcaag 180

gtgcgcgtgg accagaaatg caagtcctcg gcccagatag atccgactcc cgtgatcgtc 240

acctccaaca ccaacatgtg cgccgtgatt gacgggaact caacgacctt cgaacaccag 300

cagccgttgc aagaccggat gttcaaattt gaactcaccc gccgtctgga tcatgacttt 360

gggaaggtca ccaagcggga agtcaaagac tttttccggt gggcaaagga tcacgtggtt 420

gaggtggagc atgaattcta cgtcaaaaag ggtggagcca agaaaagacc cgcccctagt 480

gacgcagata taagtgagcc caaacgggtg cgcgagtcag ttgcgcagcc atcgacgtca 540

gacgcggaag cttcgatcaa ctacgcggac aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgtg 600

ggcatgaatc tgatgctgtt tccctgcaga caatgcgaga gaatgaatca aaattcaaat 660

atctgcttca ctcacggaca gaaagactgt ttagagtgct ttcccgtgtc agaatctcaa 720

cctgtttctg tcgtcaaaaa ggcgtatcag aaactgtgct acattcatca tatcatggga 780

aaggtgccag acgcttgcac tgcctgcgat ctggtcaatg tggatttgga tgactgcatc 840

tctgaacaat aaatgattta aatcaggtat ggctgccgat ggttatcttc cagattggct 900

cgaggacact ctctctgaag gaataagaca gtggtggaag ctcaaacctg gcccaccacc 960

accaaagccc gcagagcggc ataaggacga cagcaggggt cttgtgcttc ctgggtacaa 1020

gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa gggagagccg gtcaacgagg cagacgccgc 1080

ggccctcgag cacgacaagg cctacgaccg gcagctcgac agcggagaca acccgtacct 1140

caagtacaac cacgccgacg cggagtttca ggagcgtctt aaagaagata cgtcttttgg 1200

gggcaacctc ggacgagcag tcttccaggc gaaaaagagg gttcttgaac ctctgggcct 1260

ggttgaggaa cctgttaaga cggctccggg aaaaaagagg ccggtagagc actctcctgc 1320

ggagccagac tcctcctcgg gaaccggaaa agcgggccag cagcctgcaa gaaaaagact 1380

gaatttcggt cagactggag acgcagactc cgtacctgac ccccagcctc tcagacagcc 1440

accagcagcc cccacaagtt tgggatctac tacaatggct acaggcagtg gcgcaccaat 1500

ggcagacaat aacgagggtg ccgatggagt gggtaattcc tcaggaaatt ggcattgcga 1560

ttcccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac 1620

ctacaacaac cacctttaca agcaaatctc cagccaatca ggagcctcaa acgacaacca 1680

ctactttggc tacagcaccc cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgccactt 1740

ttcaccacgt gactggcaaa gactcatcaa caacaactgg ggattccgac ccaagagact 1800

caacttcaag ctctttaaca ttcaagtcaa agaggtcacg cagaatgacg gtacgacgac 1860

gattgccaat aaccttacca gcacggttca ggtgtttact gactcggagt accagctccc 1920

gtacgtcctc ggctcggcgc atcaaggatg cctcccgccg tttccagcgg acgtcttcat 1980

ggtcccacag tatggatacc tcaccctgaa caacgggagt caggcggtag gacgctcttc 2040

cttttactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgcgt actggaaaca actttcagtt 2100

cagctacact tttgaagacg tgcctttcca cagcagctac gctcacagcc agagtttgga 2160

tcggctgatg aatcctctga tcgaccagta cctgtattat ctaaacagaa cacaaacagc 2220

tagtggaact cagcagtctc ggctactgtt tagccaagct ggacccacaa gcatgtctct 2280

tcaagctaaa aactggctgc ctggaccgtg ttatcgccag cagcgtttgt caaagcaggc 2340

aaacgacaac aacaacagca actttccctg gactggagct accaagtact acctcaatgg 2400

cagagactct ttggtgaacc cgggcccggc catggccagc cacaaggacg atgaagaaaa 2460

gtttttcccc atgcatggaa ccctaatatt tggtaaagaa ggaacaaatg ctaccaacgc 2520

ggaattggaa aatgtcatga ttacagatga agaggaaatc aggaccacca atcccgtggc 2580

tacagagcag tacggatatg tgtcaaataa tttgcaaaac tcaaatactg ctgcaagtac 2640

tgaaactgtg aatcaccaag gagcattacc tggtatggtg tggcaggatc gagacgtgta 2700

cctgcaggga cccatttggg ccaagattcc tcacaccgat ggacactttc atccttctcc 2760

actgatggga ggttttggac tcaaacaccc gcctcctcag attatgatca aaaacactcc 2820

cgttccagcc aatcctccca caaacttcag ttctgccaag tttgcttcct tcatcacaca 2880

gtattccacg ggacaggtca gcgtggagat cgagtgggag ctgcagaagg agaacagcaa 2940

acgctggaat cccgaaattc agtacacttc caactacaac aaatctgtta atgtggactt 3000

tactgtggac actaatggtg tgtattcaga gcctcgcccc attggcacca gatacctgac 3060

tcgtaatctg taattgcttg ttaatcaata aaccgtttaa ttcgtttcag ttgaactttg 3120

gtctctgcga agggcgaatt cgcggccgct aaatcaatcg 3160

<210> 320

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 320

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys Arg Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Gly Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Gly
500 505 510
Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575
Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Arg Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn
690 695 700
Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 321

<211> 3157

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 321

ctcactaagg gactagtcct gcaggtttaa acgaattcgc ccttgctgcg tcaactggac 60

caatgagaac tttcccttca acgactgtgt cgacaagatg gtgatttggt gggaggaggg 120

gaagatgacc gccaaggtcg tggagtcggc caaagccact ctcggaggaa gcaaggtgcg 180

cgtggaccag aaacgcaagt cctcggccca gatagatccg actcccgtga tcgtcacctc 240

caacaccaac atgtgcgccg tgattgacgg gaactcaacg accttcgaac accagcagcc 300

gttgcaagac cgaatgttca aatttgaact cacccgccgt ctggatcatg acttcgggaa 360

ggtcaccaag caggaagtca aagacttttt ccggtgggca aaggatcacg tggttgaggt 420

ggagcatgaa ttctacgtca aaaagggtgg agccaagaaa agacccgccc ctagtgacgc 480

agatataagt gagcccaaac gggtgcgcga gtcagttgcg cagccatcga cgtcagacgc 540

ggaagcttcg atcaactacg cggacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgtgggcat 600

gaatctgatg ctgtttccct gcagacaatg cgagagaatg aatcaaaatt caaatatctg 660

cttcactcac ggacagaaag actgtttaga gtgctttccc gtgtcagaat ctcaacctgt 720

ttctgtcgtc aaaaaggcgt atcagaaact gtgctacatt catcatatca tgggaaaggt 780

gccagacgct tgcactgcct gcgatctggt caatgtggat ttggatgact gcatctctga 840

acaataaatg atttaaatca ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg 900

acactctctc tgaaggaata agacagtggt ggaagctcaa acctggccca ccaccaccaa 960

agcccgcaga gcggcataag gacgacagca ggggtcttgt gcttcctggg tacaagtacc 1020

tcggaccctt caacggactc gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggctc 1080

tcgagcacga caaggcctac gaccggcagc tcgacagcgg agacaacccg tacctcaagt 1140

acaaccacgc cgacgcggag tttcaggagc gtcttaaaga agatacgtct tttgggggca 1200

acctcggacg agcagtcttc caggcgaaaa agagggttct tgaacctctg ggcctggttg 1260

aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt agagcactct cctgcggagc 1320

cagactcctc ctcgggaacc ggaaaagcgg gccagcagcc tgcaagaaaa agactgaatt 1380

tcggtcagac tggagacgca gactccgtac ctgacccccca gcctctcgga cagccaccag 1440

cagcccccac aagtttggga tctactacaa tggctacagg cagtggcgca ccaatggcag 1500

acaataacga gggtgccgat ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc 1560

aatggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca 1620
acaaccacct ttacaagcaa atctccagcc aatcaggagc ctcaaacgac aaccactact 1680
ttggctacag cacccccctgg gggtattttg acttcaacag attccactgc cgcttttcac 1740
cacgtgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact 1800
tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg 1860
ccaataacct taccagcacg gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg 1920
tcctcggctc ggcgcatcaa ggatgcctcc cgccgtttcc agcggacgtc ttcatggtcc 1980

cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtcaggc ggtaggacgc tcttcctttt 2040
actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtactgg aaacaacttt cagttcagct 2100
acacttttga agacgtgcct ttccacagca gctacgctca cagccagggt ttggatcggc 2160
tgatgaatcc tctgatcgac cagtacctgt attatctaaa cagaacacaa acagctagtg 2220
gaactcagca gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc cacaagcatg tctcttcaag 2280
ctaaaaactg gctgcctgga ccgtgttatc gccagcagcg tttgtcaaag caggcaaacg 2340
acaacaacaa cagcaacttt ccctggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcggag 2400

actctttggt gaacccgggc ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt 2460
tccccatgca tggaacccta atatttggta aagaaggaac aaatgctacc aacgcggaat 2520
tggaaaatgt catgattaca gatgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacag 2580
agcagtacgg atatgtgtca aataatttgc aaaactcaaa tactgctgca agtactgaaa 2640
ctgtgaatca ccaaggagca ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc 2700
ggggacccat ttgggccaag attcctcacg ccgatggaca ctttcatcct tctccactga 2760
tgggaggttt tggactcaaa cacccgcctc ctcagattat gatcaaaaac actcccgttc 2820

cagccaatcc tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttccttcatc acacagtatt 2880
ccacgggaca ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct 2940
ggaatcccga aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg 3000
tggacactaa tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta 3060
atctgtaatt gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc 3120
tgcgaagggc gaattcgcgg ccgctaaatt caattcg 3157

<210> 322

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 322

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Cys Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg
500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590
Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn
690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720
Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 323

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 323

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctggatac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcat ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcgtc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcagatt 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gcgactggca gagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctgtttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgacttgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gcaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag tcaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccactacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaaa 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct cattaagaat accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagcgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggggtgtat 2160

tcagagcctc gccctattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 324

<211> 3159

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 324

gattgattta gcggccgcga attcgccctt gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 60

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggaaag atgaccgcca 120

aggtcgtgga gtcggccaaa gccattctcg gaggaagcaa ggtgcgtgtg gaccaaaagt 180

gcaagtcttc ggcccagatc gacccgactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 240

gcgccgtgat tgatggaaac tcaacgacct tcgagcacca gcagccgttg caagaccgga 300

tgttcaaatt tgaacttacc cgccgtctgg atcatgactt tggaaaggtc accaagcagg 360

aagtgaaaga ctttttccgg tgggcaaagg atcacgtggt tgaggtggag catgagttct 420

acgtcaaaaa gggtggagcc aaaaaaagac ccgcccccag tgacgcagat ataagtgagc 480

ccaaacgggc gcgcgagtca gttgcgcagc catcgacgtc agacgcggaa gcttcgatca 540

actacgcgga caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgt gggcatgaat ctgatgctgt 600

ttccctgcag acaatgcgag agaatgaatc agaattcaaa tatctgcttc actcacggac 660

agaaagactg tccatagtgc tttcccgtgt cagaatctca acccgtttct gtcgtcaaaa 720

aggcgtatca gaaactgtgc tacattcatc acatcatggg aaaggtgcca gacgcttgca 780

ctgcttgcga cctggtcaat gtggatttgg atgactgcat ctctgaacaa taaatgattt 840

aaatcaggta tggctgccga tggttatctt ccagattggc tcgaggacac tctctctgaa 900
ggaataagac agtggtggaa gctcaaacct ggcccaccac caccaaagcc cgcagagcgg 960
cataaggacg acagcagggg tcttgtgctt cctggataca agtacctcgg acccttcaac 1020
ggactcgaca agggagagcc ggtcaacgag gcagacgccg cggccctcga gcacgacaag 1080
gcctacgacc ggcagctcga cagcggagac aacccgtacc tcaagtacaa ccacgccgac 1140
gcggagtttc aggagcgcct taaagaagat acgtcttttg ggggcaacct cggacgagca 1200
gtcttccagg cgaaaaagag ggttcttgaa cctctgggcc tggttgagga acctgttaag 1260

acggctccgg gaaaaaagag gccggtagag cactctcctg tggagccaga ctcctcctcg 1320
ggaaccggaa aagcgggcaa ccagcctgca agaaaaagat tgaatttcgg tcagactgga 1380
gacgcagact ccgtacctga cccccagcct ctcggacagc caccagcatc cccctctggt 1440
ctgggaacta atacgatggc tacaggcagt ggcgcaccaa tggcagacaa taacgagggc 1500
gccgacggag tgggtaattc ctcgggaaat tggcattgcg attccacatg gatgggcgac 1560
agagtcgtca ccaccagcac ccgcacctgg gccctgccca cctacaacaa ccacctctac 1620
aagcagattt ccagccaatc aggagccagc aacgacaacc actactttgg ctacagcacc 1680

ccttgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcgccacg cgactggcag 1740
agactcatca acaacaactg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgtttaac 1800
attcaagtca aggaggtcac gcagaatgac ggtacgacga cgattgccaa taaccttacc 1860
agcacggttc aggtgtttac tgacttggag taccagctcc cgtacgtcct cggctcggcg 1920
catcaaggat gcctcccgcc gttcccagca gacgtcttca tggtgccaca gtatggatac 1980
ctcaccctga acaacgggag tcaggcggta ggacgctctt ccttttactg cctggagtac 2040
tttccttctc agatgcttcg caccggaaac aactttacct tcagctacac ttttgaagac 2100

gttcctttcc acagcagcta cgctcacagt caaagtctgg accgtctcat gaatcctctc 2160
atcgaccagt acctgtatta cttgagcaga acaaacactc caagcggaac cactacgcag 2220
tccaggcttc agttttctca ggccggagcg agtgacattc gggaccagtc taggaactgg 2280
cttcctggac cctgttaccg ccagcagcga gtatcaaaga cagctgcgga taacaacaac 2340
agtgaatact cgtggactgg agctaccaag taccacctca atggcagaga ctctctggtg 2400
aatccgggcc cggccatggc cagccacaag gacgatgaag aaaagttttt tcctcaaagc 2460
ggggttctca tctttgggaa gcaaggctca gagaaaacaa atgtggacat tgaaaaggtc 2520

atgattacag acgaagagga aatcaggacc accaatcccg tggctacgga gcagtatggt 2580
tctgtatcta ccaacctcca gagcggcaac acacaagcag ctacctcaga tgtcaacaca 2640
caaggcgttc ttccaggcat ggtctggcag gacagagacg tgtacctgca ggggcccatc 2700

tgggcaaaaa ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggcggattt 2760

ggacttaaac accctcctcc acagattctc attaagaata ccccggtacc tgcgaatcct 2820

tcgaccacct tcagcgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtattc cacggggcag 2880

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaatcccgaa 2940

attcagtaca cttccaacta caacaaatct gttaatgtgg actttactgt ggacactaat 3000

ggggtgtatt cagagcctcg ccctattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaattg 3060

cttgttaatc aataaaccgt ttaattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg 3120

aattcgttta aacctgcagg actagtccct ttagtgagg 3159

<210> 325

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 325

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ser Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Val
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 326

<211> 2205

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 326

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaaagcccg cagagcggca taaggacgac 120

agcaggggtc ttgtgcttcc tggatacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag 180

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccgg 240

cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagtttcag 300

gagcgcctta aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcg 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg gttgaggaac ctgttaagac ggctccggga 420

aaaaagaggc ccgtagagca ctctcctgtg gagccagact cctcctcggg aaccggaaaa 480

gcgggcaacc agcctgcaag aaaaagattg aatttcggtc agactggaga cgcagactcc 540

gtacctgacc cccagcctct cggacagcca ccagcagccc cctctggtct gggaactaat 600

acgatggcta caggcagtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggcgc cgacggagtg 660

ggtaattcct cgggagattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agtcatcacc 720

accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcagatttcc 780

agccaatcag gagccagcaa tgacaaccac tactttggct acagcacccc ttgggggtat 840

tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcgccacgcg actggcagag actcatcaac 900

aacaactggg gattccggcc caaaagactc aacctcaagc tgtttaacat tcaagtcaag 960

gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag cacggttcag 1020

gtgtttactg acttggagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca tcaaggatgc 1080

ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtgccacagt atggatacct caccctgaac 1140

aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt tccttctcag 1200

atgcttcgta ccggaaacaa ctttaccttc agctacactt ttgaagacgt tcctttccac 1260

agcagctacg ctcacagtca aagtctggac cgtctcatga atcctctcat cgaccagtac 1320

ctgtattact tgagcagaac aaacactcca agcggaacca ctacgcagtc caggcttcag 1380

ttttctcagg ccggagcgag tgacattcgg gaccagtcta ggaactggct tcctggaccc 1440

tgttaccgcc agcagcgagt atcaaagaca gctgcggata acaacaacgg tgaatactcg 1500

tggactggag ctaccaagta ccacctcaat ggcagagact ctctggtgaa tccgggcccg 1560

gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttc ctcaaagcgg ggttctcatc 1620

tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat gattacagac 1680

gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc tgtatctacc 1740

aacctccaga gcggcaacac acgagcagct acctcagatg tcaacacaca aggcgttctt 1800

ccaggcatgg tctggcagga cagagacgtg tacctgcagg ggcccatctg ggcaaaaatt 1860

ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gcggatttgg acttaaacac 1920

cctcctccac agattctcat taagaatacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc 1980

agcgcggcaa agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cggggcaggt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat tcagtacact 2100

tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg ggtgtattca 2160

gagcctcgcc ctattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaa 2205

<210> 327

<211> 3156

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 327

cgattgaatt tagcggccgc gaattcgccc ttgctgcgtc aacggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgtgt ggaccaaaag 180

tgcaagtctt cggcccagat cgacccgact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgatggaaa ctcaacgacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaacttac ccgccgtctg gatcatgact ttggaaaggt caccaagcag 360

gaagtgaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgagttc 420

tacgtcaaaa agggtggagc caaaaaaaga cccgcccccа gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gcgaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcttgcg acctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaaagcccg cagagcggca 960

taaggacgac agcaggggtc ttgtgcttcc tggatacaag tacctcggac ccttcaacgg 1020

actcgacaag ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaggc 1080

ctacgaccgg cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc 1140

ggagtttcag gagcgcctta aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt 1200

cttccaggcg aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg gttgaggaac ctgttaagac 1260

ggctccggga aaaaagaggc ccgtagagca ctctcctgtg gagccagact cctcctcggg 1320

aaccggaaaa gcgggcaacc agcctgcaag aaaaagattg aatttcggtc agactggaga 1380

cgcagactcc gtacctgacc cccagcctct cggacagcca ccagcagccc cctctggtct 1440

gggaactaat acgatggcta caggcagtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggcgc 1500

cgacggagtg ggtaattcct cgggagattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag 1560

agtcatcacc accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa 1620

gcagatttcc agccaatcag gagccagcaa tgacaaccac tactttggct acagcacccc 1680

ttgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcgccacgcg actggcagag 1740

actcatcaac aacaactggg gattccggcc caaaagactc aacctcaagc tgtttaacat 1800

tcaagtcaag gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag 1860

cacggttcag gtgtttactg acttggagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca 1920

tcaaggatgc ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtgccacagt atggatacct 1980

caccctgaac aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt 2040

tccttctcag atgcttcgta ccggaaacaa ctttaccttc agctacactt ttgaagacgt 2100

tcctttccac agcagctacg ctcacagtca aagtctggac cgtctcatga atcctctcat 2160

cgaccagtac ctgtattact tgagcagaac aaacactcca agcggaacca ctacgcagtc 2220

caggcttcag ttttctcagg ccggagcgag tgacattcgg gaccagtcta ggaactggct 2280

tcctggaccc tgttaccgcc agcagcgagt atcaaagaca gctgcggata acaacaacgg 2340

tgaatactcg tggactggag ctaccaagta ccacctcaat ggcagagact ctctggtgaa 2400

tccgggcccg gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttc ctcaaagcgg 2460

ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat 2520

gattacagac gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc 2580

tgtatctacc aacctccaga gcggcaacac acgagcagct acctcagatg tcaacacaca 2640

aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga cagagacgtg tacctgcagg ggcccatctg 2700

ggcaaaaatt ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gcggatttgg 2760

acttaaacac cctcctccac agattctcat taagaatacc ccggtacctg cgaatccttc 2820

gaccaccttc agcgcggcaa agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cggggcaggt 2880

cagcgtggag atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat 2940

tcagtacact tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg 3000

ggtgtattca gagcctcgcc ctattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaattgct 3060

tgttaatcaa taaaccgttt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa 3120

ttcgtttaaa cctgcaggac tagtcccttt agtgag 3156

<210> 328

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 328

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Lys

20 25 30

Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Arg

65 70 75 80

Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly Lys

145 150 155 160

Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly

165 170 175

Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro Ala

180 185 190

Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly Ala

195 200 205

Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser

210 215 220

Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr

225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr

245 250 255

Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr Phe

260 265 270

Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys

275 280 285

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly

290 295 300

Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Leu Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys
305 310 315 320
Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr
325 330 335
Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val
340 345 350
Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val

355 360 365
Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln
370 375 380
Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln
385 390 395 400
Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp
405 410 415
Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu

420 425 430
Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn
435 440 445
Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala
450 455 460
Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480
Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn Asn

485 490 495
Gly Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540
Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Arg Ala Ala Thr Ser

580 585 590

Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 329

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 329

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtacg accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgatgg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta caagcagatt 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
agagaggtca cgcagaatga tggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta cttcccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga tgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggatcagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg acaacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggattg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggcaatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggaa aacaaggatc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca tctactgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcctat ctgggcaaag 1860
attccgcaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaaaaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacggggcg ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctaca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 330

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 330

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asp His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Asp Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Arg Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Ile Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ser Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Arg Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 331

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 331

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagacag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaaccccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattccg catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgacc ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcccgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaacggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgcggag aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcatagc caaagcctgg accggctgat gaacccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cttggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacgcacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttga tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt cagagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2217

<210> 332

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 332

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Ala Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Pro Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 333

<211> 735

<212

> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 333

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 334

<211> 3158

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 334

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cctttcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgc ggaccagaaa 180
tgcaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccaacatg 240
tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgaacacc agcagccgtt gcaagaccgg 300
atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360
gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420
tacgtcaaaa agggtggagc taagaaaaga cccgcccccа gtgacgcaga tataagtgag 480
cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg gcaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600
tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660
cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720
aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780
actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840
taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900
aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960

gcataaggac gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020
cggactcgac aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa 1080
ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140
cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200
agtcttccag gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260
aacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc 1320
gggaaccgga aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg 1380

agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440
tctgggatct actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500
tgccgatgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga 1560
cagagtcatc accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta 1620
caagcaaatc tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac 1680
cccctggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740
aagactcatc aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800

cattcaagtc aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgctgc gtaccggaaa caactttcaa ttcagctaca cttttgaaga 2100

cgtgcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct 2160

ggtcgaccag tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca 2220

gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg 2280

gctgcctgga ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa 2340

cagcaacttt ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt 2400

taatccagga ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca 2460

tggaaccctt atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt 2520

catgattaca gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg 2580

aactgtatca aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca 2640

ccaaggagcg ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat 2700

ttgggccaag attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt 2760

tggactcaaa cacccacctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc 2820

tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga 2940

aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtga 3158

<210> 335

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 335

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Pro Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Arg Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Val Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 336

<211> 3159

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 336

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60
cctttcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120
aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgt ggaccagaaa 180
tgcaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccgacatg 240
tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgaacacc agcagccgtt gcaagaccgg 300
atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360
gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc taagaaaaga cccgcccccа gtgacgcaga tataagtgag 480
cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540
aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600
tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660
cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720
aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780
actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900
aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960
gcataaggac gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020
cggactcgac aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa 1080
ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140
cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200
agtcttccag gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260

aacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcaccctcct gtggagccag actcctcctc 1320
gggaaccgga aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg 1380
agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440
tctgggatct actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500
tgccgatgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga 1560
cagagtcatc accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta 1620
caagcaaatc tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac 1680

cccctggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740
aagactcatc aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800
cattcaagtc aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgctgc gtaccggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga 2100

cgtgcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct 2160

gatcgaccag tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca 2220

gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaaccg 2280

gctgcctgga ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa 2340

cagcaacttt ccctggaccg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt 2400

taatccagga ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca 2460

tggaaccctt atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt 2520

catgattaca gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg 2580

aactgtatca aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca 2640

ccaaggagcg ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat 2700

ttgggccaag attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactgg tgggaggttt 2760

tggactcaaa cacccacctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc 2820

tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga 2940

aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtgag 3159

<210> 337

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 337

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtaccttg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac cccaagtaca accacgccga cgcggagttc 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caagcagatt 780
tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaatt ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgcccacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctt aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtgtggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920
caccctcccc cgcagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgactacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccaggtac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 338

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 338

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 339

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 339

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtaccttg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acggcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctctt gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaggaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caggcagatt 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaatt ggggatcccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgcccacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct cgtcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctt aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtgtggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcccc cgcagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgactacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 340

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 340

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Gly Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Leu Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Arg Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Arg Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Ser Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 341

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 341

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Glu Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Ser Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Arg Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 342
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 342
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcttggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaatgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140
cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200
tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcggcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380
cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacgacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 343

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 343

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Leu

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Gly Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 344
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 344
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Pro Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 345

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 345

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 346

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 346

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg gacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320
tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440
ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500
ccctggactg cggctacaaa gtatcaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560
ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620
atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680
gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740
aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920
cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980
ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 347

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 347

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211
<210> 348
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 348
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaacaaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtaccaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 349

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 349

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccacctg caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atatccaatg ggacatcggg agggagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140
cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200
tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380
cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tgccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920
ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980
ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 350

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 350

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Thr Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 351

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 351

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

aacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gaccctccaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctgcagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtacccgctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctt gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 352

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 352

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asn Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Ser Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Cys Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Pro Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Cys Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 353

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 353

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020
accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140
acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260
cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320
gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380
actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440
ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500
aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560
cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680
ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740
gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800
ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920
ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 354

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 354

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 355
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 355
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 356

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 356

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 357

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 357

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 358

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 358

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 359

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 359

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caaccccccgc tgctgtggga 600
cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660
ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccccttgg 840
gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900
atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260
ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380
cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440
ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 360

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 360

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 361

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 361

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caaccccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc cctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtgtacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 362

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 362

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 363
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 363

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat gactggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020
accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140
acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260
cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380
actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440
ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500
aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560
cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620
atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680
ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 364

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 364

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr

225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr

245 250 255

Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 365

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 365

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

ccttttcaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 366

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 366

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 367

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 367

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 368

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 368

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 369

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 369

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctccc 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctctac gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aacacctact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200
tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980
gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040
gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 370

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 370

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 371

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 371

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatctg ggccaagatt 1860

cctcacacgg acggcaactt ccacccgtct ccgctgatgg gcggctttgg cctgaaacat 1920

cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgtacctg cggatcctcc gaccaccttc 1980

aaccagtcaa agctgaactc tttcatcacg caatacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2040

attgaatggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga atcccgaagt gcagtataca 2100

tctaactatg caaaatctgc caacgttgat ttcactgtgg acaacaatgg actttatact 2160

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtcccc tgtaa 2205

<210> 372

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 372

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu
405 410 415
Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala
450 455 460

Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro
465 470 475 480
Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly

515 520 525

Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540
Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly
565 570 575
Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly
580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
645 650 655

Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala
690 695 700
Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730

<210> 373
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 373

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagt gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

accgacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 374

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 374

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Trp Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 375

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 375

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctcggcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtcttcatgg tgccacagta tggatacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggacttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 376

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 376

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Asp Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 377

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 377

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aactgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

accaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320
tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380
ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440
agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500
tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560
gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620
tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740
aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800
ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatctg ggccaagatt 1860
cctcacacgg acggcaactt ccacccgtct ccgctgatgg gcggctttgg cctgaaacat 1920
cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgttcctg cgaatcctcc ggcggagttt 1980
tcagctacaa agtttgcttc attcatcacc cagtactcca caggacaagt gagtgtggaa 2040
attgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgctgga atcccgaagt gcagtacaca 2100

tccaattatg caaaatctgc caacgttgat tttactgtgg acaacaatgg actttatact 2160
gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctt accaaacctc tgtaa 2205
<210> 378
<211> 734
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 378
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Cys Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Thr Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu
405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala
450 455 460
Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro
465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly
515 520 525
Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540

Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly

565 570 575

Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly

580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala

690 695 700

Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu

725 730

<210> 379

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 379

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caaccccccgc tgctgtggga 600
cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660
ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780
atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccccttgg 840
gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900
atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260
ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380
cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440
ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 380

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 380

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460
Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 381

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 381

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 382

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 382

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 383

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 383

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatttg ggccaaaatt 1860

cctcacacgg acggcaactt tcacccttct ccgctgatgg gagggtttgg aatgaaacac 1920

ccgcctcctc agatcctcat caaaaacaca cctgtacctg cggatcctcc aacggccttc 1980

aacaaggaca agctgaactc tttcatcacc cagtattcta ctggccaagt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga accccgagat ccagtacacc 2100

tccaactact acaaatctac aagtgtggac tttgctgtta atacagaagg cgtgtactct 2160

gaaccccgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaatc tgtaa 2205

<210> 384

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 384

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu

405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala

450 455 460

Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro

465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly

515 520 525

Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln

530 535 540

Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly

565 570 575

Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly

580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620
Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
645 650 655
Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr
690 695 700
Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720
Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 385
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 385
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600
cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140
ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320
attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380
cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440
ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500
agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560
aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680
atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740
atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800
caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccct ctcccctcat gggtggattc 1920
ggacttaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980
ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100
atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160
ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 386

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 386

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 387

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 387

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 388

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 388

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 389

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 389

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120
aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080
tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500
tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 390

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 390

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 391

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 391

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 392

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 392

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 393

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 393

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca acggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaaccaccag cagcccccac aagtttggga 600

tctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa ccgcttccac tgccacttct cgccaagaga ctggcaaaga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta tggatacctc 1140

accctgaaca acggaagtca agcggtggga cgctcatcct tttactgcct ggagtacttc 1200

ccttcgcaga tgctaaggac tggaaataac ttccaattca gctatacctt cgaggatgta 1260

ccttttcaca gcagctacgc tcacagccag agtttggatc gcttgatgaa tcctcttatt 1320

gatcagtatc tgtactacct gaacagaacg caaggaacaa cctctggaac aaccaaccaa 1380

tcacggctgc tttttagcca ggctgggcct cagtctatgt ctttgcaggc cagaaattgg 1440

ctacctgggc cctgctaccg gcaacagaga ctttcaaaga ctgctaacga caacaacaac 1500

agtaactttc cttggacagc agccagcaaa tatcatctca atggccgcga ctcgctggtg 1560

aatccaggac cagctatggc cagtcacaag gacgatgaag aaaaattttt ccctatgcac 1620

ggcaatctaa tatttggcaa agaagggaca acggcaagta acgcagaatt agataatgta 1680

atgattacgg atgaagaaga gattcgtacc accaatcctg tggcaacaga gcagtatgga 1740

actgtggcaa ataacttgca gagctcaaat acagctccca cgactagaac tgtcaatgat 1800

caggggggcct tacctggcat ggtgtggcaa gatcgtgacg tgtaccttca ggggcccatc 1860

tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc gcagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

tcgaccacct tcagtgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtactc cacgggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2160

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 394

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 394

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Thr Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn

485 490 495

Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val

545 550 555 560

Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 395
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 395
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960
aaggaggtca cgcagaatga aggcaccaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct gattgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggactatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccg tctccgctga tgggcggctt tggcctgaaa 1920
catcctccgc ctcagatcct gatcaagaac acgcctgtac ctgcggatcc tccgaccacc 1980
ttcaaccagt caaagctgaa ctctttcatc actcagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acctccaact actacaaatc tacaagtgtg gactttgctg ttaatacaga aggcgtgtac 2160

tctgaacccc gccccattgg cacccgttac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 396

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 396

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Tyr Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 397

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 397

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ttgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttcc tcagagcggg 1620

gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg tggacattga aaaggtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg ctacggagca gtatggttct 1740

gtatctacca acctccagag aggcaacaga caagcagcta ccgcagatgt caacacacaa 1800

ggcgttcttc caggcatggt ctggcaggac agagatgtgt accttcaggg gcccatctgg 1860

gcaaagattc cacacacgga cggacatttt cacccctctc ccctcatggg tggattcgga 1920

cttaaacacc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacccgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcaccc agtattctac tggccaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 398

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 398

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Phe Ala Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala
580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 399
<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 399

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaaccaccag cagcccccac aagtttggga 600

tctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa ccgcttccac tgccacttct cgccaagaga ctggcaaaga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta tggatacctc 1140

accctgaaca acggaagtca agcggtggga cgctcatcct tttactgcct ggagtacttc 1200

ccttcgcaga tgctaaggac tggaaataac ttccaattca gctatacctt cgaggatgta 1260

ccttttcaca gcagctacgc tcacagccag agtttggatc gcttgatgaa tcctcttatt 1320

gatcagtatc tgtactacct gaacagaacg caaggaacaa cctctggaac aaccaaccaa 1380

tcacggctgc tttttagcca ggctgggcct cagtctatgt ctttgcaggc cagaaattgg 1440

ctacctgggc cctgctaccg gcaacagaga ctttcaaaga ctgctaacga caacaacaac 1500

agtaactttc cttggacagc agccagcaaa tatcatctca atggccgcga ctcgctggtg 1560

aatccaggac cagctatggc cagtcacaag gacgatgaag aaaaattttt ccctatgcac 1620

ggcaatctaa tatttggcaa agaagggaca acggcaagta acgcagaatt agataatgta 1680

atgattacgg atgaagaaga gattcgtacc accaatcctg tggcaacaga gcagtatgga 1740

actgtggcaa ataacttgca gagctcaaat acagctccca cgactagaac tgtcaatgat 1800

caggggggcct tacctggcat ggtgtggcaa gatcgtgacg tgtaccttca ggggcccatc 1860

tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc gcagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

tcgaccacct tcagtgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtactc cacgggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2160

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 400

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 400

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn

485 490 495

Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val

545 550 555 560

Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 401
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 401
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 402

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 402

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 403

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 403

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc caaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacagca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac gactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgagg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 404
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 404
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Ser Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn Asp Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Glu Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 405
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 405
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcaacttca agctctttaa catccaggtc 960
aaggaggtca cgcagaatga aggcaccaag accatcgcca ataacctcac cagcaccatc 1020

caggtgttta cggactcgga gtaccagctg ccgtacgttc tcggctctgc ccaccagggc 1080
tgcctgcctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattcccc agtacggcta cctaacactc 1140
aacaacggta gtcaggccgt gggacgctcc tccttctact gcctggaata ctttccttcg 1200
cagatgctga gaaccggcaa caacttccag tttacttaca ccttcgagga cgtgcctttc 1260
cacagcagct acgcccacag ccagagcttg gaccggctga tgaatcctct gattgaccag 1320
tacctgtatt acttgtctcg gactcaaaca acaggaggca cgacaaatac gcagactctg 1380
ggcttcagcc aaggtgggcc taatacaatg gccaatcagg caaagaactg gctgcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acagggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc agggtcccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cagatggaca ctttcacccg tcccctctta tgggcggctt tggactcaag 1920

aacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980

ttttcagcta caaagtttgc ttcattcatc acccaatact ccacaggaca agtgagtgtg 2040

gaaattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaagcgct ggaatcccga agtgcagtac 2100

acatccaatt atgcaaaatc tgccaacgtt gattttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 406

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 406

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln
450 455 460
Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 407

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 407

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ttgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttcc tcagagcggg 1620

gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg tggacattga aaaggtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg ctacggagca gtatggttct 1740

gtatctacca acctccagag aggcaacaga caagcagcta ccgcagatgt caacacacaa 1800

ggcgttcttc caggcatggt ctggcaggac agagatgtgt accttcaggg gcccatctgg 1860

gcaaagattc cacacacgga cggacatttt cacccctctc ccctcatggg tggattcgga 1920

cttaaacacc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacccgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcaccc agtattctac tggccaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 408

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 408

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Phe Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 409

<211> 2196

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 409

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccagcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggcag actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc cgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgct 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgtctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tgggggttcc ggcccaagaa gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccatcgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcgg agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacgac agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga gccccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggcg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cagctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag tgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 410

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 410

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Gln Gln
145 150 155 160
Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser

165 170 175
Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly
180 185 190
Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
195 200 205
Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Val Ser Gly Asn Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240
Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser
245 250 255
Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300
Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn

435 440 445

Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Ser Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn

645 650 655

Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala

690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg

705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 411

<211> 2196

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 411

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccggcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggcag actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc cgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgca 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgcctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tggggattcc ggcccaagag gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccatcgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcga agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacgac agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga accccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggtg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cggctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag tgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 412

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 412

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Arg Gln
145 150 155 160

Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser
165 170 175

Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly
180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
195 200 205

Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser
245 250 255
Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300

Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Lys Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415
Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn
435 440 445
Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln
450 455 460
Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510
Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540
Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575
Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640
Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655
Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670
Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700
Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720
Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 413

<211> 2196

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 413

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccagcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggccg actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc tgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgca 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgtctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgcgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tggggattcc ggcccaagaa gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccaccgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcgg agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacggc agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga accccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggtg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cggctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag cgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 414

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 414

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Gln Gln

145 150 155 160

Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Pro Thr Gly Asp Ser Glu Ser

165 170 175

Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly

180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp

195 200 205

Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Val Ser Gly Asn Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser

245 250 255

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Thr Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415
Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn
435 440 445
Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln
450 455 460
Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Ala Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510
Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540
Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575
Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640
Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655
Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670
Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700
Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720
Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 415
<211> 4404
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 415
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgagggca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaacggccag 480

ccgcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540
ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600
gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720
cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780
ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840
aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960
acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020
gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080
ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140
cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200
acgggcgata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260
gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380
cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440
agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500
aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560
aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1620
gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680
accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800
aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860
tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920
atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980
tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040
aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100
aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaaatg gctgccgatg gttatcttcc agattggctc 2220
gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact tgaaacctgg agccccgaaa 2280
cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc tggtgcttcc tggctacaag 2340
tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg tcaacgcggc ggacgcagcg 2400
gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag cgggtgacaa tccgtacctg 2460
cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc aagaagatac gtcttttggg 2520

ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagcggg ttctcgaacc tctcggtctg 2580

gttgaggaag gcgctaagac ggctcctgga aagaagagac cggtagagcc atcaccccag 2640
cgttctccag actcctctac gggcatcggc aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga 2700
ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag tcagtgcccg accctcaacc aatcggagaa 2760
ccccccgcag gcccctctgg tctgggatct ggtacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca 2820
atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtagtt cctcaggaaa ttggcattgc 2880
gattccacat ggctgggcga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggccctcccc 2940
acctacaaca accacctcta caagcaaatc tccaacggga cttcgggagg aagcaccaac 3000

gacaacacct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgactttaa cagattccac 3060
tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg attccggccc 3120
aagagactca acttcaagct cttcaacatc caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc 3180
accaagacca tcgccaataa ccttaccagc acgattcagg tctttacgga ctcggaatac 3240
cagctcccgt acgtcctcgg ctctgcgcac cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac 3300
gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg actctgaaca atggcagtca ggccgtgggc 3360
cgttcctcct tctactgcct ggagtacttt ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac 3420

tttgagttca gctaccagtt tgaggacgtg ccttttcaca gcagctacgc gcacagccaa 3480
agcctggacc ggctgatgaa ccccctcatc gaccagtacc tgtactacct gtctcggact 3540
cagtccacgg gaggtaccgc aggaactcag cagttgctat tttctcaggc cgggcctaat 3600
aacatgtcgg ctcaggccaa aaactggcta cccgggccct gctaccggca gcaacgcgtc 3660
tccacgacac tgtcgcaaaa taacaacagc aactttgcct ggaccggtgc caccaagtat 3720
catctgaatg gcagagactc tctggtaaat cccggtgtcg ctatggcaac ccacaaggac 3780
gacgaagagc gatttttcc gtccagcgga gtcttaatgt ttgggaaaca gggagctgga 3840

aaagacaacg tggactatag cagcgttatg ctaaccagtg aggaagaaat taaaaccacc 3900
aacccagtgg ccacagaaca gtacggcgtg gtggccgata acctgcaaca gcaaaacgcc 3960
gctcctattg taggggccgt caacagtcaa ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac 4020
cgggacgtgt acctgcaggg tcctatctgg gccaagattc ctcacacgga cggaaacttt 4080
catccctcgc cgctgatggg aggctttgga ctgaaacacc cgcctcctca gatcctgatt 4140
aagaatacac ctgttcccgc ggatcctcca actaccttca gtcaagctaa gctggcgtcg 4200
ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa 4260

gaaaacagca aacgctggaa cccagagatt caatacactt ccaactacta caaatctaca 4320

aatgtggact ttgctgttaa cacagatggc acttattctg agcctcgccc catcggcacc 4380

cgttacctca cccgtaatct gtaa 4404

<210> 416

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 416

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 417
<211> 3129
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 417
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300
aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420
gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480
gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720
ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg gggcgggcac ccgagattgc ttgctcggcc 780

tgcgatctgg tcaacgtgga cctagatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc 840
aggtatggct gccgatggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat 900
tcgcgagtgg tgggacttga aacctggagc cccgaaaccc aaagccaacc agcaaaagca 960
ggacgacggc cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tcaacggact 1020
cgacaagggg gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta 1080
cgaccagcag ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga 1140

gtttcaggag cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt 1200

ccaggccaag aagcgggttc tcgaacctct cggtctggtt gaggaaggcg ctaagacggc 1260
tcctggaaag aagagaccgg tagagccatc accccagcgt tctccagact cctctacggg 1320
catcggcaag aaaggccagc agcccgcgaa aaagagactc aactttgggc agactggcga 1380
ctcagagtca gtgcccgacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcaggcc cctctggtct 1440
gggatctggt acaatggctg caggcggtgg cgctccaatg gcagacaata acgaaggcgc 1500
cgacggagtg ggtagttcct caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag 1560
agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctccccacc tacaacaacc acctctacaa 1620

gcaaatctcc aacgggactt cgggaggaag caccaacgac aacacctact tcggctacag 1680
cacccccctgg gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg 1740
gcagcgactc atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt 1800
caacatccag gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct 1860
taccagcacg attcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc 1920
tgcgcaccag ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg 1980
gtacctgact ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga 2040

gtactttcct tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct accagtttga 2100
ggacgtgcct tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc 2160
cctcatcgac cagtacctgt actacctgtc tcggactcag tccacgggag gtaccgcagg 2220
aactcagcag ttgctatttt ctcaggccgg gcctaataac atgtcggctc aggccaaaaa 2280
ctggctaccc gggccctgct accggcagca acgcgtctcc acgacactgt cgcaaaataa 2340
caacagcaac tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct 2400
ggtaaatccc ggtgtcgcta tggcaaccca caaggacgac gaagagcgat tttttccgtc 2460

cagcggagtc ttaatgtttg ggaaacaggg agctggaaaa gacaacgtgg actatagcag 2520
cgttatgcta accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta 2580
cggcgtggtg gccgataacc tgcaacagca aaacgccgct cctattgtag gggccgtcaa 2640
cagtcaagga gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc 2700
tatctgggcc aagattcctc acacggacgg aaactttcat ccctcgccgc tgatgggagg 2760
ctttggactg aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgga 2820
tcctccaact accttcagtc aagctaagct ggcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg 2880

acaggtcagc gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc 2940

agagattcaa tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac 3000

agatggcact tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta 3060

attgcttgtt aatcaataaa ccggttgatt cgtttcagtt gaactttggt ctctgcgaag 3120

ggcgaattc 3129

<210> 418

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 418

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 419
<211> 733
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 419
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Arg Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly

260 265 270

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His

275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe

290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

305 310 315 320

Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu

340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe

355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala

370 375 380

Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400
Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415

Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430
Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445
Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460
Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480

Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495
Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu
515 520 525
Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
565 570 575
Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590
Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620
Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro

645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 420

<211> 2501

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 420

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg cttgctcggc ctgcgatctg 180

gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa tgacttaaac caggtatggc 240

tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc tctgagggca ttcgcgagtg 300

gtgggacttg agacctggag ccccgaaacc caaagccaac cagcaaaagc aggacgacgg 360

ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc ttcaacggac tcgacaaggg 420

agagccggtc aacgaggcag acgccgcggc cctcgagcac gacaaggcct acgacaagca 480

gctcgagcag ggggacaacc cgtacctcaa gtacaaccac gccgacgccg agtttcagga 540

gcgtcttcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg cgagcagtct tccaggccaa 600

gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc gctaagacgg ctcctggaaa 660

gaagagaccc atagaatccc ccgactcctc cacgggcatc ggcaagaaag gccagcagcc 720

cgctaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca gagtcagtgc ccgaccctca 780

accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtctggga tctggcacaa tggctgcagg 840

cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac ggagtgggta gttcctcagg 900

aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac 960

ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg 1020

aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt 1080

taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg 1140

gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac atccaggtca aggaggtcac 1200

gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc agcacgattc aggtctttac 1260

ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg caccagggct gcctgcctcc 1320

gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac ctgactctga acaacggcag 1380

tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac tttccttctc aaatgctgag 1440

aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac gtgccttttc acagcagcta 1500

tgcgcacagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc atcgaccagt acctgtacta 1560

cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact cagcagttgc tattttctca 1620

ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg ctacccgggc cctgctaccg 1680

gcagcaacgc gtctccacga cagtgtcgca aaataacaac agcaactttg cttggaccgg 1740

tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta aatcccggtg tcgctatggc 1800

aacgcacaag ggcgacgaag agcgattttt tccatccagc ggagtcttga tgtttgggaa 1860

acagggagct ggaaaagaca acgtagacta tagcagcgtt atgctaacca gtgaggaaga 1920

aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc gtggtggccg ataacctgca 1980

acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt caaggagcct tacctggcat 2040

ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc tgggccaaga ttcctcacac 2100

ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt ggactgaaac acccgcctcc 2160

tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct ccaactacct tcagtcaagc 2220

caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg 2280

ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag attcagtata cttccaacta 2340

ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag ggtacttatt cagagcctcg 2400

ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg 2460

ttgattcgtt tcagttgaac tttggtctca agggcgaatt c 2501

<210> 421

<211> 2187

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 421

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 480

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540

ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg cgaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2187

<210> 422

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 422

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Glu Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 423

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 423

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 424

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 424

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 425

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 425

Met Ala Ala Asp Gly His Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp Gly Phe
290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
325 330 335
Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
340 345 350
Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380
Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400
Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415
Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445
Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460
Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480
Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495

Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu
515 520 525
Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly

530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val

565 570 575

Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala

580 585 590

Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly

610 615 620

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro

645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 426

<211> 3113

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 426

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg cttccctgca 600
agacatgcga gagaatgaat cagaatttca gcatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtca tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380
gaccctcaac caatcggaga accccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440
gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtagt 1500
tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tagctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560
acccgaacct gggccctccc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620
acatcgggag gaagcaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680
tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacagctggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag 1800
gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag cacgattcag 1860
gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1920

ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980

aacggcagtc aggccgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040

atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gccttttcac 2100

agcagctacg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga acccccctcat cgaccagtac 2160

ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220

ttttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280

tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca ctgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340

tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400

gctatggcaa cgcacaagga cgacgaagag cgatttttc catccagcgg agtcttgatg 2460

tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520

gaggaagaaa tcaaaaccac caacccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580

aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccg tcaacagtca aggagcctta 2640

cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcctatctg ggccaagatt 2700

cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

ccgcctcctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820

agtcaagcca agctggcgtc gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940

tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaacc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060

taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 427

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 427

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Arg Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Arg Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly

435 440 445

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Ala Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg

705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 428

<211> 3106

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 428

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgcgtggac caaaagtgca agtcgtccgc 180
ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240
cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 300
actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggcgaca aagcaggaag tcaaagagtt 360
cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 420
tggagccaac aagagacccg cccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcccg 480

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 540
caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600
aacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660
ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720
gaaactctgt gccattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780
cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840
gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900

gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960
acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020
acaagggaga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaggcctacg 1080
acaagcagct cgagcagggg gacaacccgt acctcaagta caaccacgcc gacgccgagt 1140
ttcaggagcg tcttcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 1200
gggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260
ctggaaagaa gagacccata gaatcccccg actcctccac gggcatcggc aagaaaggcc 1320

agcagcccgc taaaaagaag ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag tcagtgcccg 1380
acccccaacc tctcggagaa cctcccgccg cgccctcagg tctgggatct ggtacaatgg 1440
ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtaatg 1500
cctccggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc accaccagca 1560
cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcagata tcaagtcaga 1620
gcggggctac caacgacaac cacttcttcg gctacagcac cccctggggc tattttgact 1680
tcaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc aacaacaacc 1740

ggggattccg gcccagaaag ctgcggttca agttgttcaa catccaggtc aaggaggtca 1800
cgacgaacga cggcgttacg accatcgcta ataaccttac cagcacgatt caggtcttct 1860
cggactcgga gtaccaactg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgcctccctc 1920
cgttccctgc ggacgtgttc atgattcctc agtacggata tctgactcta aacaacggca 1980

gtcagtctgt gggacgttcc tccttctact gcctggagta ctttccttct cagatgctga 2040

gaacgggcaa taactttgaa ttcagctacc agtttgagga cgtgcccttt cacagcagct 2100

acgcgcacag ccaaagcctg gaccggctga tgaacccccct catcgaccag tacctgtact 2160

acctgtctcg gactcagtcc acgggaggta ccgcaggaac tcagcagttg ctattttctc 2220

aggccgggcc taataacatg tcggctcagg ccaaaaactg gctacccggg ccctgctacc 2280

ggcagcaacg cgtctccacg acactgtcgc aaaataacaa cagcaacttt gcttggaccg 2340

gtgccaccaa gtatcatctg aatggcagag actctctggt aaatcccggt gtcgctatgg 2400

caacgcacaa ggacgacgaa gagcgatttt ttccatccag cggagtcttg atgtttggga 2460

aacagggagc tggaaaagac aacgtggact atagcagcgt tatgctaacc agtgaggaag 2520

aaatcaaaac caccaaccca gtggccacag aacagtacgg cgtggtggcc gataacctgc 2580

aacagcaaaa cgccgctcct attgtagggg ccgtcaacag tcaaggagcc ttacctggca 2640

tggcctggca gaaccgggac gtgtacctgc agggtcctat ctgggccaag attcctcaca 2700

cggacggcaa ctttcatcct tcgccgctga tgggaggctt tggactgaaa cacccgcctc 2760

ctcagatcct gattaagaat acacctgttc ccgcggatcc tccaactacc ttcagtcaag 2820

ccaagctggc gtcgttcatc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg gaaattgaat 2880

gggagctgca gaaagagaac agcaagcgct ggaacccaga gattcagtat acttccaact 2940

actacaaatc tacaaatgtg gactttgctg tcaatactga gggtacttat tcagagcctc 3000

gccccattgg cacccgttac ctcacccgta acctgtaatt gcctgttaat caataaaccg 3060

gttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc gaattc 3106

<210> 429

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 429

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 430

<211> 3197

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 430

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480
gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400
gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460

agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760
tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940
gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060
ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gggttaattc tgagcttggc 3180
gtaatcatgg gtcatag 3197

<210> 431
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 431
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asp Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly

530 535 540

Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr

565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr

580 585 590

Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Asp Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 432

<211> 3276

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 432

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga attaaccggt ttattgatta 60

acaggcaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acccccttcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180

tgaatctctg gattccagcg tttgctgttt tctttctgca gttcccactc gatctccacg 240
ctgacctggc cggtgctgta ctgcgtgata aatgaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300
tctggaggat tagcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360
agtccaaatc cgtccatcag gggagacggg tgaaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420
gcccagatgg gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480
ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt ccggccgtag acgattgcag gttgctggag 540
accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctcctc ctcgctggtc 600

attagcacgt tttccagcgt tgtcttgttg gcagcccccg ttttgccaaa aaccagcact 660
ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcgtcg tccttgttgg tggccatggc tacgcccggg 720
ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780
ctgttgttgt tgctgtctat gtttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtccgggc 840
agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttgggcccag cctgatggaa ctgcagctcc 900
cttgtggacc ccgtagtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960
ggattcatca gccggtccag gctctggcta tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020

tcaaaggtgt agctgaattc aaagttattg cccgttctca gcatctgaga aggaaagtac 1080
tccaggcagt agaaggagga acgtcccaca gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140
ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200
gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260
aggttattag cgatggtcgt aacgccgtcg tccgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320
aacaacttga accgcagctt tctgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380
cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccagggggtg 1440

ctgtagccga agtaggtgtt gtcgttggtg cttcctcccg atgtcccgtt ggagatttgc 1500
ttgtagaggt ggttgttgta ggtggggagg gcccaggttc gggtgctggt ggtgatgact 1560
ctgtcgccca gccatgtgga atcgcaatgc caatttcctg aggaactacc cactccgtcg 1620
gcgccttcgt tattgtctgc cattggagcg ccaccgcctg cagccattgt accagatccc 1680
agaccagagg ggcctgcggg gggttctccg attggttgag ggtcgggcac tgactctgag 1740
tcgccagtct gcccaaagtt gagtctcttt ttcgcgggct gctggcctgt cttgccgatg 1800
cccgtagagg agtctggaga acgctggggt gatggctcta ccggtctctt ctttccagga 1860

gccgtcttag cgccttcctc aaccagaccg agaggttcga gaacccgctt cttggcctgg 1920

aagactgctc gcccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt cttgaagacg ctcctgaaac 1980

tcggcgtcgg cgtggttgta cttgaggtac gggttgtccc cctgctcgag ctgcttgtcg 2040

taggccttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt tgaccggctc tcccttgtcg 2100

agtccgttga agggtccgag gtacttgtag ccaggaagca ccagaccccg gccgtcgtcc 2160

tgcttttgct ggttggcttt gggtttcggg gctccaggtt tcaagtccca ccactcgcga 2220

atgccctcag agaggttgtc ctcgagccaa tctggaagat aaccatcggc agccatacct 2280

ggtttaagtc atttattgct cagaaacaca gtcatccagg tccacgttga ccagatcgca 2340

ggccgagcaa gcaatctcgg gagcccgccc cagcagatga tgaatggcac agagtttccg 2400

atacgtcctc tttctgacga ccggttgaga ttctgacacg ccggggaaac attctgaaca 2460

gtctctggtc ccgtgcgtga agcaaatgtt gaaattctga ttcattctct cgcatgtctt 2520

gcagggaaac agcatctgaa gcatgcccgc gtgacgagaa cacttgtttt ggtacctgtc 2580

ggcaaagtcc accggagctc cttccgcgtc tgacgtcgat ggatgcaaaa tgtcgcaaaa 2640

gcactcacgt gacagctaat acaggaccac tcccctatga cgtgatttac gtcagcgcta 2700

tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc ggagctcctt 2760

ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc tcgcttttat 2820

ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag aactcatgcg 2880

ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc tgctttgtca 2940

ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc cggtcctgca 3000

acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac atgttggtgt 3060

tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga agacttgcac ttttggtcca 3120

cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg gccgtcatct 3180

tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga aagttctcat 3240

tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3276

<210> 433

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 433

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 434

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 434

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 435

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 435

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 436
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 436
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Arg Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 437

<211> 2489

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 437

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtgaagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcag gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

acgaacgacg gcgttacgac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1320

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1380

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1440

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1680

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1740

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 2160

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2400

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttaattcgtt 2460

tcagttgaac tttggtcaag ggcgaattc 2489

<210> 438

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 438

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Arg Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asp Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 439

<211> 3098

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 439

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accggagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat 1500

gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgcacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620

agcggggcta ccaacgacaa ccacttcttc ggctacagca ccccctgggg ctattttgac 1680

ttcaacagat tccactgcca cttctcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740

tggggattcc ggcccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800

acgacgaacg acggcgttac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860

tcggactcgg agtaccaact gccgtacgtc ctcggctctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920

ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980

agtcagtctg tgggacgttc ctccttctac tgcctggagt actttccttc tcagatgctg 2040

agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100

tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatcccc tcatcgacca gtacctgtac 2160

tacctggccc ggacccagag cactacgggg tccacaaggg agctgcagtt ccatcaggct 2220

gggcccaaca ccatggccga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcgg 2280

cagagactgt caaaagacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340

actaaatacc atctgaatgg tagaaattca ttaaccaacc cgggcgtagc catggccacc 2400

aacaaggacg acgaggacca gttctttccc atcaacggag tgctggtttt tggcaaaacg 2460

ggggctgcca acaagacaac gctggaaaac gtgctaatga ccagcgagga ggagatcaaa 2520

accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580

acggccggac cccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtctgg 2640

cagaaccggg acgtgtacct gcagggtccc atctgggcca aaattcctca cacggacggc 2700

aactttcacc cgtctcccct gatgggcgga tttggactca aacacccgcc tcctcaaatt 2760

ctcatcaaaa acaccccggt acctgctaat cctccagagg tgtttactcc tgccaagttt 2820

gcctcattta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880

cagaaagaga acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940

tctaataatg tggaatttgc tgtcaacaac gaaggggttt atactgagcc tcgccccatt 3000

ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa ttacttgtta atcaataaac cggttgattc 3060

gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg gcgaattc 3098

<210> 440

<211> 685

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 440

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Gly Leu Gln Phe His
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly
530 535 540
Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr
565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr
580 585 590
Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
645 650 655
Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
660 665 670
Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
675 680 685

<210> 441
<211> 2969
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 441
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatc 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gacgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctggcc cggacccaga gcactacggg gtccacaagg 2220

gggctgcagt tccatcaggc tgggcccaac accatggccg agcaatcaaa gaactggctg 2280

cccggaccct gttatcggca gcagagactg tcaaaaaaca tagacagcaa caacaacagt 2340

aactttgcct ggaccggggc cactaaatac catctgaatg gtagaaattc attaaccaac 2400

ccgggcgtag ccatggccac caacaaggac gacgaggacc agttctttcc catcaacgga 2460

gtgctggttt ttggcaaaac gggggctgcc aacaagacaa cgctggaaaa cgtgctaatg 2520

accagcgagg aggagatcaa aaccaccaat cccgtggcta cagaagaata cggtgtggtc 2580

tccagcaacc tgcaatcgtc tacggccgga ccccagacac agactgtcaa cagccagggg 2640

gctctgcccg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 2700

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccgtctcccc tgatgggcgg atttggactc 2760

aaacacccgc ctcctcaaat tctcatcaag tatacttcca actactacaa atctacaaat 2820

gtggactttg ctgtcaatac tgagggtact tattcagagc ctcgccccat tggcacccgt 2880

tacctcaccc gtaacctgta attgcctgtt aatcaataaa ccggttaatt cgtttcagtt 2940

gaactttggt ctctgcgaag ggcgaattc 2969

<210> 442

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 442

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly

260 265 270

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His

275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe

290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

305 310 315 320

Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu

340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe

355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala

370 375 380

Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met

385 390 395 400

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val

405 410 415

Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met

420 425 430

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser

435 440 445

Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly

450 455 460

Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys

465 470 475 480

Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser

485 490 495

Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp

500 505 510

Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu

515 520 525

Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly

530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val

565 570 575

Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala

580 585 590

Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly

610 615 620

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro

645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Ser Leu

725 730

<210> 443

<211> 3113

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 443

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480
gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320
cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440
gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtagt 1500
tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560
acccgaacct gggccctccc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620
acatcgggag gaagcaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680
tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740
aacaactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag cacgattcag 1860
gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1920
ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980
aacggcagtc aggccgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040
atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gccttttcac 2100
agcagctatg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga accccctcat cgaccagtac 2160

ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220

ttttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280
tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca gtgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340
tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400
gctatggcaa cgcacaaggg cgacgaagag cgatttttc catccagcgg agtcttgatg 2460
tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520
gaggaagaaa tcaaaaccac caacccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580
aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccg tcaacagtca aggagcctta 2640

cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcctatctg ggccaagatt 2700
cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760
ccgcctcctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820
agtcaagcca agctggcgtc gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940
tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000
gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtagcc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060

taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 444
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 444

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 445
<211> 3128
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 445
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420
gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcgcggg accagagact 660
gttcagaatg tttcccgggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcccgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgcg gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcat agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400
gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460
agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760
tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940
gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060
ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
gcgaattc 3128
<210> 446
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 446
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 447
<211> 1933
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<220><221> modified_base
<222> (1302)..(1302)
<223> a, c, t or g
<400> 447

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcaccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat gnaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 448

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 448

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser

180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala

195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Ser Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Gly Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala Tyr Ser Gln Ser Pro Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 449

<211> 3105

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 449

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120

aggccattct gggcggaagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180

tcgaccccac gcccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 360

gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggcggag 420

ccaccaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 480

cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540

aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600

agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660

gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

gcgcgattca tcatctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc cgcgatctcg 780

tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840

gctgacggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900

tgggacctga aacctggagc ccccaagccc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960

cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tcaacggact cgacaagggg 1020

gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080

ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140

cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200

aagagggtac tcgaacctct gggcctggtt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260
aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320
aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380

cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcaccgggc 1440
ggaaatgctg tcgatgcggg acaaggttcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500
cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560
ttgcccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620
tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680
tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740
cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacaa cgtcgaacgg cgagactacg 1800

gtcgctaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgta tgagctcccg 1860
tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgtctcctt tccccaatga cgtcttcatg 1920
gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980
aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040
gaaatggctt acaactttgg gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctta cagccagagc 2100
ccggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160
tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtgga 2220

gactttgcct tttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaaca gcagagactc 2280
tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340
tatgacaccc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcctgg acctccaatg 2400
gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccctggacca 2460
tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaagaagaa 2520
attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580
aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgct tcctggcatg 2640

gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700
gacggacatt ttcatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760
cagatattta tcaaaaacac ccccgtacct gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820
agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880
gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgctgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940
gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000

gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060

gtgattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 3105

<210> 450

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 450

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
405 410 415
Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 451

<211> 3105

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 451

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120

aggccattct gggcggaagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180

tcgaccccac gcccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 360

gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggcggag 420

ccaccaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 480

cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540

aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600

agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660

gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

gcgcgattca tcatctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc tgcgatctcg 780

tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840

gctgacggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900

tgggacctga aacctggagc ccccaagctc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960

cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tccacggact cgacaagggg 1020

gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080

ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140

cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200

aagagggtac tcgaaccact gggcctggtt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260

aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320

aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380
cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcaccgggc 1440
ggaaatgctg tcgatgcggg acaaggttcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500
cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560
ttgcccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620
tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680
tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740

cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacaa cgtcgaacgg cgagactacg 1800
gtcgctaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgta tgagctcccg 1860
tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgcctcctt tccccaatga cgtcttcatg 1920
gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980
aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040
gaaatggctt acaactttga gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctca cagccagagc 2100
ctggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160

tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtgga 2220
gactttgcct tttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaaca gcagagattc 2280
tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340
tatgacaccc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcctgg acctccaatg 2400
gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccctggacca 2460
tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaaggagaa 2520
attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580

aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgct tcctggcatg 2640
gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700
gacggacatt ttcatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760
cagatattta tcaaaaacac ccccgtacct gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820
agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880
gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgccgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940
gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000

gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060

gtgattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 3105

<210> 452

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 452

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser

180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala

195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Thr Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Gly Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
450 455 460
Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
465 470 475 480
Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495
Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510
Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
515 520 525
Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540
Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560
Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575
Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590
Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Tyr Pro Ala
645 650 655
Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Cys Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 453

<211> 3105

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400

> 453

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcacacggt ttattgatta 60

actaggcagt tacaaatgat tagtcaaata acgagagcca ataacccgcg gctctgtata 120

cttcccagtt gtatcgggag cccacaacat agaagactgg ttcccacagt ttgaagtaaa 180

ctgcacttca ggattccagc gtttggagcg ttccttttcg atttcccatt caatctgaac 240

agcgacctgg ccggtgctgt attgtgtgat gaaagagtcc actctggctg cagtgaaggt 300

tgtcgcagga taggcaggta cgggggtgtt tttgataaat atctggggag gcggatgttt 360

cagtccaaaa ccgccaatta gcggtgaagg atgaaaatgt ccgtccgcgt gtgggatctt 420

ggcccaaatt ggcccttggt agtaaatgtc tctgttttgc cacaccatgc caggaagcac 480

tcccatagca gtcacgttgc cggttatggg agcagttgta gcattctgat tattgtcagc 540

aatctgacca aacatgtccg tgtctcttgg gttggtggca gcaatttctt cttctgatgt 600

aaacaacaga ttgtttgctg aggttgttgt gtttccggtg actgatggtc cagggaagat 660

gagctgggcg ttgctgaagt ccccatctga aggtccagct gttgccattg gaggtccagg 720

cgctatgttg ctccagcggt tgtttaaggt atagtgggtg tcatacttta acagagcgtt 780

gcccccgctg gcaggaatct tgtaattttg actggcagtt tttgagaatc tctgctgttt 840

aacacaaggc ccaggcagcc agttctttct gtaaaaggca aagtctccac tcctgatttt 900

tccaaatgtg gttgctgcat tgccttgatt cagagtctct ccagaggtgg tcgactgtaa 960

gtgccacagg tactggtcca ggaggggatt catcagtccg tccaggctct ggctgtgagc 1020

atacattgag tggaacggca ccttctcaaa gttgtaagcc gtttcaaagt tattgccagt 1080

tctcagcatt tgtgaaggaa aatactccag gcagtagaaa gcatttctgt ccgtctggtt 1140

ctgattttcg ccagtcacaa tgccacagta gccatattga ggcaccatga agacgtcatt 1200

ggggaaagga ggcagacttc cctcttgtcc agcgtccatc acgtacggga gctcatacga 1260

cgagtccgca aatatctgaa ccgtgctggt aaggttatta gcgaccgtag tctcgccgtt 1320
cgacgttgtg acctccttaa cttggatatt gaagatttta acgcgcatgg cttttggtcg 1380
tagtccccag ttgttgttga tgagtctttg ccagtcacgt ggtgagaagt gacagtggaa 1440
tctgttaaag tcaaagtatc cccagggggt ggagaatccg ttgtaggtgt tgctgtttga 1500
tgttgttccg agccgcaggt acaagtggtt gttgtaggtg ggcaagaccc aggttctggt 1560
cgaggttgtt gtgaccttgc cctcagacca ggtggaatcg caatgccaat cacccgaggc 1620
attacccact ccatcggaac cttgtcccgc atcgacagca tttccgcccg gtgctgcacg 1680

catttcaatg tctgaagaca tggcgctggt atctgatcct tcagggggtc cgtctccggc 1740
tccagtgtcc tcttcaaagt tgagtctctt tttggctggt tgtttgcctt ttttgccgat 1800
tcctgaggag gagtcgggct cttgtggtga ctctaacggt ctcttctttc caggagccgt 1860
cttagcacct tcttcaacca ggcccagagg ttcgagtacc ctcttcttgg cctggaagac 1920
tgctcgcccg aggttgcccc caaaagacgt atcttcttgc agacgctcct gaaactcggc 1980
gtcggcgtgg ttataccgca ggtacggatt gtcacccgct ttgagctgct ggtcgtaggc 2040
cttgtcgtgc tcgagggccg ctgcgtccgc cgcgttgacg ggctccccct tgtcgagtcc 2100

gttgaagggt ccgaggtact cgtagccagg aagcaccaga ccccggccgt cgtcctgctt 2160
ctgctggttg gccttgggct tgggggctcc aggtttcagg tcccaccact cgcgaatgcc 2220
ctcagagagg ttgtcctcga gccaatctgg aagataaccg tcagcagcca tacctggttt 2280
aagtcattta ttgctcagaa acacagtcat ccaagtccac gttgacgaga tcgcaggccg 2340
aacacgcaat ctcgggtgcc cgccccagca gatgatgaat cgcgcacagt ttctgatacg 2400
tctttttct gacgacgggt tgagattctg acgcgccggg gaagcactct gagcagtctc 2460
tgaccccgtg cgtgaagcag acgttgaaat tctgattcat tctctcgcat gtcttgcagg 2520

gaaacagcat ctgaagcatg cccgcgtgac gagaacattt gttttggtac ctgtccgcaa 2580
ggtccaccgg tgcttccgcg tctgacgtcg atggctccgc aactgagggg caggcccgct 2640
tgggctcgct tatatccgcg tcactggggg cgggtctttt ggtggctccg ccctttctga 2700
cgtagaactc atgcgccacc tcagtcacgt gatcctgagc ccagcggaag aactctttga 2760
cttcctgctt ggtcaccttg ccaaagtcgt gctccagacg gcgggtgagc tcgaacttga 2820
acatgcggtc ctgcagcggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg 2880
cgcacatgtt ggtgttggag gtgacgatca cgggcgtggg gtcgatctgg gccgatgact 2940

tgcacttttg gtccacgcgc accttgcttc cgcccagaat ggccttggcg gactccacga 3000
ccttggcggt catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga 3060
agggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3105

<210> 454

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 454

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480

Gln Gly Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495
Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510
Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575
Leu Gln Pro Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700
Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Pro Arg Asn Leu

725

<210> 455

<211> 3094

<212> DNA

<

213> Adeno-associated virus

<400> 455

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca agagaacttt cccttcaacg attgcgtcga 60

caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggtcgtgg agtccgccaa 120

agccattctg ggcggaagca aggtgcgcgt cgaccaaaag tgcaagtcct cggcccagat 180

cgatcccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga tcgacgggaa 240

cagcaccacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaggaccgg atgttcaaat ttgaactcac 300

ccgccgtctg gaacacgact ttggcaaggt gaccaagcag gaagtcaaag agttcttccg 360

ctgggctagt gatcacgtga ctgaggtgac gcatgagttc tacgtcagaa agggcggagc 420

cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga tataagcgag cccaagcggg cctgtccctc 480

agtcacggac ccatcgacgt cagacgcgga aggagctccg gtggactttg ccgacaggta 540

ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct gcaaaacgtg 600

cgagagaatg aatcagaatt tcaacatttg cttcacgcac ggggtcagag actgtttaga 660

atgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aaaaagacgt atcggaagct 720

gtgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc acccgagatt gcttgctcgg cctgcgacct 780

ggtcaacgtg gacctggacg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaaa ccgggtatgg 840

ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900

ggtgggacct gaaacctgga gccccgaaac ccaaagccaa ccagcaaaag caggacgacg 960

gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020

gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080

agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc gagtttcagg 1140

agcgtctgca agaagatacg tcatttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200

agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260

agaagagacc catagactct ccagactcct ccacgggcat cggcaaaaaa ggccagcagc 1320

ccgctaaaaa gaagctcaat tttggtcaga ctggcgactc agagtcagtc cccgaccctc 1380

aacctcttgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg atctggtaca atggctgcag 1440

gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga cggagtgggt aatgcctcag 1500

gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt catcaccacc agcaccagaa 1560

cctgggccct ccccacctac aacaaccacc tctacaagca aatctccagc agcagctcag 1620

gagccaccaa tgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttta 1680

acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac aacaactggg 1740

gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag gaggtcacaa 1800

cgaatgacgg cgtcacgacc atcgctaata accttaccag cacggttcag gtcttctcgg 1860

actcggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc ctgcctccgt 1920

tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct gactctgaac aacggcagcc 1980

aatcggtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggaatattt cccctctcaa atgctgagaa 2040

cgggcaacaa ctttgagttc agttacagct tcgaggacgt gcctttccac agcagctacg 2100

cgcacagcca gagcctagac cggctgatga accctctcat cgaccagtac ctgtactacc 2160

tggcccggac ccagagcacc acgggttcca ccagggaact gcaatttcat caagctgggc 2220

ccaatactat ggccgagcag tcaaagaact ggctgcctgg accctgctat aggcaacagg 2280

gactgtcaaa gaacttggac tttaacaaca acagcaattt tgcctggact gctgccacta 2340

aatatcatct gaatggcaga aactctttga ccaatcctgg cattcccatg gcaaccaaca 2400

aggatgatga ggaccagttc tttcccatca acggggtact ggtttttggc aagacgggag 2460

ctgccaacaa aactacgctg gaaaacgttc tgatgaccag cgaggaggag atcaagacca 2520

ctaaccctgt ggctacagaa gaatacggtg tggtctccag caacctgcag ccgtctacag 2580

ccgggcctca atcacagact atcaacagcc agggagcact gcctggcatg gtctggcaga 2640

accgggacgt gtatctgcag ggtcccatct gggccaaaat tcctcacacg gatggcaact 2700

ttcacccgtc tcctctgatg ggcggttttg gactcaaaca cccgcctcca cagatcctga 2760

tcaaaaacac acctgtacct gctaatcctc cggaggtgtt tactcctgcc aagtttgcct 2820

ccttcatcac gcagtacagc accggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga 2880

aagaaaacag caagcgctgg aacccagaaa ttcagtatac ttccaattat gccaagtcta 2940

ataatgttga atttgctgtg aaccctgatg gtgtttatac tgagcctcgc cccattggca 3000

ctcgttacct cccccgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccggt tgattcgttt 3060

cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 3094

<210> 456

<211> 1458

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 456

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460
Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495
Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510
Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575
Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700
Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu
725 730 735

Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp
740 745 750
Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln
755 760 765
Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro
770 775 780
Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala
785 790 795 800

Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp
805 810 815
Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg
820 825 830
Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe
835 840 845
Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly
850 855 860

Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Ile Gly Ser Pro Asp Ser
865 870 875 880
Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu
885 890 895
Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro
900 905 910
Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met
915 920 925

Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp
930 935 940
Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu
945 950 955 960
Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr

965 970 975

Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala

980 985 990

Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe

995 1000 1005

Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

1010 1015 1020

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg

1025 1030 1035

Phe Lys Leu Leu Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp

1040 1045 1050

Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val

1055 1060 1065

Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala

1070 1075 1080

His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

1085 1090 1095

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asp Asn Gly Ser Gln Ser Val

1100 1105 1110

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met

1115 1120 1125

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp

1130 1135 1140

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

1145 1150 1155

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

1160 1165 1170

Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln

1175 1180 1185

Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro

1190 1195 1200

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe
1205 1210 1215
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His
1220 1225 1230

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala
1235 1240 1245
Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val
1250 1255 1260
Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu
1265 1270 1275
Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro
1280 1285 1290

Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser
1295 1300 1305
Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln Gly Ala
1310 1315 1320
Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
1325 1330 1335
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
1340 1345 1350

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln
1355 1360 1365
Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val
1370 1375 1380
Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
1385 1390 1395
Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
1400 1405 1410

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala
1415 1420 1425
Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

1445 1450 1455

<210> 457

<211> 3095

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 457

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180

tgaatttctg ggttccagcg cttgctgttt tctttctgca gctcccactc gatttccacg 240

ctgacttgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgtttg 360

agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480

ccctggctgt tgatagtctg tgattgaggc ccggctgtag acgactgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtggtct tgatctcctc ctcgctggtc 600

atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctcccg tcttgccaaa aaccagtacc 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcatca tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720

ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tatttagtgg cagcagtcca ggcaaaattg 780

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtccaggc 840

agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttgggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900

ctggtggaac ccgtggtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960

gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020

tcgaagctgt aactgaactc aaagttgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080

tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgtccag agtcaggtag 1140

ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aggagcttga accgcagctt cttgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccagggggtg 1440

ctgtagccga agtagtggtt gtcattggtg gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500

tagaggtggt tgttgtaggt ggggagggcc caggttctgg tgctggtggt gatgactctg 1560

tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattacccac tccgtcggca 1620

ccttcgttat tgtctgccat tggtgcgcca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680

ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740

ccagtctgac caaaattgag cttcttttta gcgggctgct ggccttttt gccgatgccc 1800

gtggaggagt ctggagagcc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccttcc 1860

tcaaccagac cgagaggttc gagaacccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccgagg 1920

ttgcccccaa atgacgtatc ttcttgcaga cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980

taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040

agggccgctg cgtccgccgc gttgacgggc tccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100

aggtacttgt agccaggaag caccagaccc cggccgtcgt cctgcttttg ctggttggct 2160

ttgggtttcg gggctccagg tttcaggtcc caccactcgc gaatgccctc agagaggttg 2220

tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag tcatttattg 2280

ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aagcaatctc 2340

gggtgcccgc cccagcagat gatgaatcgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400

gaccggttga gattctgaca cgccggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgtgcgt 2460

gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctcgcacgtt ttgcagggaa acagcacctg 2520

aagcatgccc gcgtgacgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580

tccttccgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgaggga cgggcccgct tgggctcgct 2640

tatatccgcg tcatcggggg cgggtctttt gctggctccg ccctttctga cgtagaactc 2700

atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggaag aactctttga cttcctgctt 2760

tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820

ctgcaacggt tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg cgcacatgtt 2880

ggtgttggag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940

gtccacgcgc accttgctgc cgccgagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000

catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagtt 3060

ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3095

<210> 458

<211> 3095

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 458

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180

tgaatttctg ggttccagcg cttgctgttt tctttctgca gctcccactc gatttccacg 240

ctgacttgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgttcg 360

agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480

ccctggctgt tgatagtctg tgattgaggc ccggctgtag acgactgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtggtct tgatctcctc ctcgctggtc 600

atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctcccg tcttgccaaa aaccagtacc 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcatca tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720

ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tatttagtgg cagcagtcca ggcaaaattg 780

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtccaggc 840

agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttgggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900

ctggtggaac ccgtggtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960

gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020

tcgaagctgt aactgaactc aaagttgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080

tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgttcag agtcaggtag 1140

ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aagagcttga accgcagctt cttgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccagggggtg 1440

ctgtagccga agtagtggtt gtcattggtg gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500

tagaggtggt tgttgtaggt ggggagggcc caggttctgg tgctggtggt gatgactctg 1560

tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattacccac tccgtcggca 1620

ccttcgttat tgtctgccgt tggtgcgcca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680

ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740

ccagtctgac caaaattgag cttcttttta gcgggctgct ggccttttt gccgatgccc 1800

gtggaggagt ctggagagtc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccttcc 1860

tcaaccagac cgagaggttc gagaacccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccgagg 1920

ttgcccccaa atgacgtatc ttcttgcagg cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980

taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040

agggccgctg cgtccgccgc gttgacgggc tccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100

aggtacttgt agccaggaag caccagaccc cggccgtcgt cctgcttttg ctggttggct 2160

ttgggtttcg gggctccagg tttcaggtcc caccactcgc gaatgccctc agagaggttg 2220

tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag ccatttattg 2280

ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aggcaatctc 2340

gggtgcccgc cccagcagat gatgaatcgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400

gaccggttga gattctgaca cgccggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgtgcgt 2460

gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctcgcacgtt ttgcagggaa acagcatctg 2520

aagcatgccc gcgtggcgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580

tccttccgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgaggga caggcccgct tgggctcgct 2640

tatatccgcg tcatcggggg cgggtctttt gctggctccg ccctttctga cgtagaactc 2700

atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggaag aactctttga cttcctgctt 2760

tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820

ctgcaacggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg cgcgcatgtt 2880

ggtgttggag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940

gtccacgcgc accttgctgc cgccgagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000

catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagtt 3060

ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3095

<210> 459

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 459

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540
Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670
Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720
Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 460
<211> 729
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 460

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460
Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe

515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn

530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys

545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn

565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln

580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln

595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr

645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val

690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 461

<211> 729

<212> PRT

<213

> Adeno-associated virus

<400> 461

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495
Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540
Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670
Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 462

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 462

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcggcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gcccttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgcacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920
ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980
ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100
attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160
ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgctacc tcacccgtaa tctgtaa 2217
<210> 463
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 463
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Arg Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Pro Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 464
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 464
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140
cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200
tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg ataacttgca gcaaaccaat acggggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920
ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980
ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100
attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 465

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 465

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 466

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 466

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asp Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Arg Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Ala Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ser Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 467

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 467

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcaggatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcgggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg ttgctatggc aacgcataag gacgacgagg aacgtttctt tccatcgagc 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaggaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaagccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaat tttcacccgt ctcctctgat gggcggcttt 1920

ggactgaagc acccacctcc ccagatcctg atcaagaata cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacgacgt tcagccaggc aaaattggct tccttcatca cgcagtacag caccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgatg gaacccagaa 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caattctgag 2160

ggtacatatt cagagcctcg ccccattggt actcgttatc tgacacgtaa tctgtaa 2217

<210> 468

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 468

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gcctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcg aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccagtaga gcagtcaccc caagaaccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540
tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600
aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020
accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140
acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200
ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260
cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380
actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440
ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500
aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560
cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gtttttttccc agtaacggga 1620
tcctgttttt ggcaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680
accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800
gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860
aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920
aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980
accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg aatgggagct acagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta a 2211

<210> 469

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 469

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Val Thr Gly Ser Cys Phe Trp

530 535 540

Gln Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 470

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 470

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcagcgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctgcgac 240

cagcggctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagg gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacga gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaatcacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380
cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440
ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatacct ccaattttga cgaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214
<210> 471
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 471
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Cys Asp
65 70 75 80

Gln Arg Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Phe Asp Glu Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 472
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 472
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140
actctcaaca acggtagtca ggccgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200
ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac ttttccttca gctacacttt cgaggacgtg 1260
cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtttggaca ggctgatgaa tcctctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gtcaagaacc cagtctacgg gaggcacagc gggaacccag 1380
cagttgctgt tttctcaggc cgggcctagc aacatgtcga ctcaggccag aaactggctg 1440
cctggaccct gctacagaca gcagcgcgtc tccacgacac tgtcgcaaaa caacaacagc 1500
aactttgcct ggactggtgc caccaagtat catctgaacg gcagagactc tctggtgaat 1560
ccgggcgtcg ccatggcaac caacaaggac gacgaggacc gcttcttccc atccagcggc 1620
atcctcatgt ttggcaagca gggagctgga aaagacaacg tggactatag caacgtgatg 1680
ctaaccagcg aggaagaaat caagaccacc aaccccgtgg ccacagaaca gtatggcgtg 1740

gtggctgata acctacagca gcaaaacacc gctcctattg tgggggccgt caacagccag 1800
ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcctatttgg 1860
gccaagattc ctcacacaga tggcaacttt cacccgtctc ctttaatggg cggctttgga 1920
cttaaacatc cgcctcctca gatccttatc aaaaacactc ctgttcctgc ggatcctcca 1980
acagcgttca accaggccaa gctgaattct ttcatcacgc agtacagcac cggacaagtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa tactgagggt 2160

gcttactctg agcctcgccc cattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 473

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 473

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Thr Gln Ala Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Ala Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 474

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 474

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaaggcc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 475

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 475

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 476
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 476
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagcacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgctga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacggttc aggtcttttc ggactcggaa taccagctgc cctacgtcct cggctccgca 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140
ctgactctga acaatggcag ccaatcggtg ggtcgttcct ctttctactg cctggaatat 1200
ttcccttctc aaatgctgag aacgggcaac aacttcacct tcagctacac cttcgaggac 1260
gttcccttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcctgg accggctgat gaatcctctt 1320

atcgaccagt acctgtatta cctggccaga acacagagca acgcaggagg cacagctggc 1380
aatcgggaac tgcagtttta tcagggcggg cctaccacca tggccgaaca agccaaaaac 1440
tggctgcctg gaccttgctt ccggcaacaa agagtctcca agacgctgga tcaaaacaac 1500
aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaataccatc taaatggaag aaattcattg 1560
gttaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt cttcccttcg 1620
agcggagtcc tgatttttgg aaaaactgga gcagctaata agactacact ggaaaatgtg 1680
ttaatgacaa atgaagagga aattcgtcct accaacccgg tagccaccga ggaatacggg 1740

actgttagca gcaacctgca ggcggctaac actgcagccc agacacaagt tgtcaacaac 1800
cagggagcct tacctggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920
ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg atcaaaaaca ctcctgttcc tgctaatccc 1980
ccggaggtgt ttacgcctgc caagtttgct tctttcatca cacagtacag caccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cctccaattt tgacaaacag actggtgtgg actttgccgt tgacagccag 2160

ggtgtttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 477

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 477

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys His Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu
450 455 460
Gln Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn
465 470 475 480
Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu
485 490 495

Asp Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr
500 505 510
His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala
515 520 525
Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu
530 535 540
Ile Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val
545 550 555 560

Leu Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala
580 585 590
Ala Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 478
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 478
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 479

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 479

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 480

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 480

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 481
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 481
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 482

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 482

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacaa gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca gcaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 483

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 483

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgcac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acttatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggcaac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acatgggcta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacgg caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 484

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 484

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro His Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Leu Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Asn Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Met Gly Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Gly Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 485

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 485

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccggaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140
ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200
ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

gtcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380
cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440
ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560
aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620
ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680
atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gagcccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 486

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 486

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Gly Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Ser Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 487

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 487

atggttgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcagggc 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctta aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagctt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcg ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gccagcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagccgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 488

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 488

Met Val Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Gly Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Leu Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Gln Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Pro Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 489

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 489

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa tagcctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactccca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgtcttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacttgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 490
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 490

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Ser Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Pro Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Ser Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 491

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 491

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Val His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Ser Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Pro Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 492

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 492

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140
ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200
ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgtgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380
cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560
aattcgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620
ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680
atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740
gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc ccacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 493

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 493

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Arg Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480
Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly Arg
500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590
Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn
690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 494

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 494

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gtcacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggagtac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtggga cgttcatcct tctactgcct ggaatacttc 1200

ccttctcagg tgctgagaac gggtaacaac ttcaccttca gttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctagacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggctagaaca cagagtaacc caggaggcac atctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tccaccatgg ccgaacaagc caagaactgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtttccaaaa cactggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcattggtg 1560
aatcctggtg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca accaacaaga ctacattgga aaacgtgtta 1680
atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtgg ccacagaaga atacgggata 1740
gtcagcagca atttacaagc ggccaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaaaattc ctcacacaga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160
gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214
<210> 495
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 495
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Val Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ser Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 496
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 496
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca cacggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccggac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140
actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260
cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320
gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380
cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacgaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740
gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160
gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 497

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 497

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Arg Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 498

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 498

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cttcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggcccagccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggag ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtaccaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccgaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 499

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 499

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Gln Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Ala Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Arg Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 500

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 500

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcg ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

acctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgcgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 501

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 501

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Thr Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Ala Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 502
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 502
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacaa tggccgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140
ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200
ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagctgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaagca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagtgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 503

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 503

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Ser Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Cys Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 504

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 504

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Ser Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 505
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 505
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacga gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccctaccagc 1020
acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140
actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260
cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320
gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380
cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440
ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560
aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620
ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680
atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740
gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 506

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 506

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335
Asn Pro Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 507
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 507
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcac 60
gagtggtggg acccgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacccaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaacg tctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tctcaccacg tgaccggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cggaaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc ctcagatcct gatcaaaaac actcctgttc ctgctaatcc cccggaggtg 1980

tttacgcctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtaca gcaccggcca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaagcgct ggaacccaga gattcagtat 2100

acctccaatt ttgacaaaca gactggtgtg gactttgccg ttgacagcca gggtgtttat 2160

tctgagcctc gccccattgg tactcgttac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 508

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 508

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile His Glu Trp Trp Asp Pro Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr His Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Glu Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Phe
690 695 700

Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 509
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 509
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Pro Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Pro Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asp Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Val Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 510

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 510

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaagg ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgacccatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctaccc tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaagac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcaggtcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 511

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 511

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggctgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gagccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacaa gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gggtgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140
actctgaaca atgacagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260
cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320
gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440
ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740
gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160
gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 512
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 512
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Ala Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Gly Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Asp Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 513
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus

<400> 513

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgtgtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgcag gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 514

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 514

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Val Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 515
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 515
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 516

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 516

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Val Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 517

<211> 738

<212

> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 517

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 518

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 518

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctagac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 519

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 519

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Arg Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 520

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 520

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accatgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcctccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 521

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 521

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 522
<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 522

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Leu Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 523
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 523
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140
ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200
ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccacccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg tgatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcttcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 524

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 524

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Pro Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Val Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Leu Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 525

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 525

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcc ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140
actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccatca gctacacctt cgaggacgtt 1260
cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320
gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380
caggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740
gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacaga tggcaacttt cacccgtctc ctttaatggg cggctttgga 1920
cttaaacatc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacactc ctgttcctgc ggatcctcca 1980
acagcgttca accaggccaa gctgaattct ttcatcacgc agtacagcac cggacaagtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa tactgagggt 2160
gtttactctg agcctcgccc cattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214
<210> 526

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 526

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Ile Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Gln Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 527

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 527

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccgcctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gatgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga gcggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tcttccatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tttgtaa 2217

<210> 528

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 528

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Ala Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Ser Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Ser

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 529

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 529

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 530
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 530
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200
tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380
cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 531

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 531

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Arg Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 532

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 532

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Leu Asn Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Gly

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Lys Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Ser Pro His Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Glu Ala Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ser Asp Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Gln Gly Thr Asn Ala Thr Val Gln Gly Ala Lys Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Arg Asp Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Tyr Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met Asn Gly Thr Leu Val Phe Gly

530 535 540

Lys Asn Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Ile Glu Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Val Val Ser Asp Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Arg Pro Ile

580 585 590

Thr Gly Asp Val Asp Ser Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 533
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 533
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 534

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 534

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 535

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 535

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 536

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 536

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Arg Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 537

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 537

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Ala Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 538

<211> 1803

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 538

acggcgcctg cggcaaaaaa gaggcctcta gagcagagtc ctcaagagcc agactcctcg 60

agcggagttg gcaagaaagg caaacagcct gccagaaaga gactcaactt tgacgacgaa 120

cctggagccg gagacgggcc tcccccagaa ggaccatctt ccggagctat gtctactgag 180

actgaaatgc gtgcagcagc tggcggaaat ggtggcgatg cgggacaagg tgccgaggga 240

gtgggtaatg cctccggtga ttggcattgc gattccactt ggtcagagag ccacgtcacc 300

accacctcaa cccgcacctg ggtcctgccg acctacaaca accacctgta cctgcggctc 360

ggctcgagca acgccagcga caccttcaac ggattctcca ccccctgggg atactttgac 420

tttaaccgct tccactgcca cttctcgcca agagactggc aaaggctcat caacaaccac 480

tggggactgc gccccaaaag catgcaagtc cgcatcttca acatccaagt taaggaggtc 540

acgacgtcta acggggagac gaccgtatcc aacaacctca ccagcacggt ccagatcttt 600

gcggacagca cgtacgagct cccgtacgtg atggatgcag gtcaggaggg cagcttgcct 660

cctttcccca acgacgtgtt catggtgcct cagtacgggt actgcggact ggtaaccgga 720

ggcagctctc aaaaccagac agacagaaat gccttctact gtctggagta ctttcccagc 780

cagatgctga gaaccggaaa caactttgag atggtgtaca agtttgaaaa cgtgcccttc 840

cactccatgt acgctcacag ccagagcctg gataggctga tgaacccgct gctggaccag 900

tacctgtggg agctccagtc taccacctct ggaggaactc tcaaccaggg caattcagcc 960

accaactttg ccaagctgac caaaacaaac ttttctggct accgcaaaaa ctggctcccg 1020

gggcccatga tgaagcagca gagattctcc aagactgcca gtcaaaacta caagattccc 1080

cagggaagaa acaacagtct gctccattat gagaccagaa ctaccctcga cggaagatgg 1140

agcaattttg ccccgggaac ggccatggca accgcagcca acgacgccac cgacttctct 1200

caggcccagc tcatctttgc ggggcccaac atcaccggca acaccaccac agatgccaat 1260

aacctgatgt tcacttcaga agatgaactt agggccacca acccccggga cactgacctg 1320

tttggccacc tggcaaccaa ccagcaaaac gccaccaccg ttcctaccgt agacgacgtg 1380

gacggagtcg gcgtgtaccc gggaatggtg tggcaggaca gagacattta ctaccaaggg 1440

cccatttggg ccaaaattcc acacacggat ggacactttc acccgtctcc tctcattggc 1500

ggatttggac tgaaaagccc gcctccacaa atattcatca aaaacactcc tgtacccgcc 1560

aatcccgcaa cgaccttctc tccggccaga atcaacagct tcatcaccca gtacagcacc 1620

ggacaggtgg ctgtcaaaat agaatgggaa atccagaagg agcggtccaa gagatggaac 1680

ccagaggtcc agttcacgtc caactacgga gcacaggact cgcttctctg ggctcccgac 1740

aacgccggag cctacaaaga gcccagggcc attggatccc gatacctcac caaccacctc 1800

tag 1803

<210> 539

<211> 1617

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 539

atgcgtgcag cagctggcgg aaatggtggc gatgcgggac aaggtgccga gggagtgggt 60

aatgcctccg gtgattggca ttgcgattcc acttggtcag agagccacgt caccaccacc 120

tcaacccgca cctgggtcct gccgacctac aacaaccacc tgtacctgcg gctcggctcg 180

agcaacgcca gcgacacctt caacggattc tccacccccct ggggatactt tgactttaac 240

cgcttccact gccacttctc gccaagagac tggcaaaggc tcatcaacaa ccactgggga 300

ctgcgcccca aaagcatgca agtccgcatc ttcaacatcc aagttaagga ggtcacgacg 360

tctaacgggg agacgaccgt atccaacaac ctcaccagca cggtccagat ctttgcggac 420

agcacgtacg agctcccgta cgtgatggat gcaggtcagg agggcagctt gcctcctttc 480

cccaacgacg tgttcatggt gcctcagtac gggtactgcg gactggtaac cggaggcagc 540

tctcaaaacc agacagacag aaatgccttc tactgtctgg agtactttcc cagccagatg 600

ctgagaaccg gaaacaactt tgagatggtg tacaagtttg aaaacgtgcc cttccactcc 660

atgtacgctc acagccagag cctggatagg ctgatgaacc cgctgctgga ccagtacctg 720

tgggagctcc agtctaccac ctctggagga actctcaacc agggcaattc agccaccaac 780

tttgccaagc tgaccaaaac aaacttttct ggctaccgca aaaactggct cccggggccc 840

atgatgaagc agcagagatt ctccaagact gccagtcaaa actacaagat tccccaggga 900

agaaacaaca gtctgctcca ttatgagacc agaactaccc tcgacggaag atggagcaat 960

tttgccccgg gaacggccat ggcaaccgca gccaacgacg ccaccgactt ctctcaggcc 1020

cagctcatct ttgcggggcc caacatcacc ggcaacacca ccacagatgc caataacctg 1080

atgttcactt cagaagatga acttagggcc accaaccccc gggacactga cctgtttggc 1140

cacctggcaa ccaaccagca aaacgccacc accgttccta ccgtagacga cgtggacgga 1200

gtcggcgtgt acccgggaat ggtgtggcag gacagagaca tttactacca agggcccatt 1260

tgggccaaaa ttccacacac ggatggacac tttcacccgt ctcctctcat tggcggattt 1320

ggactgaaaa gcccgcctcc acaaatattc atcaaaaaca ctcctgtacc cgccaatccc 1380

gcaacgacct tctctccggc cagaatcaac agcttcatca cccagtacag caccggacag 1440

gtggctgtca aaatagaatg ggaaatccag aaggagcggt ccaagagatg gaacccagag 1500

gtccagttca cgtccaacta cggagcacag gactcgcttc tctgggctcc cgacaacgcc 1560

ggagcctaca aagagcccag ggccattgga tcccgatacc tcaccaacca cctctag 1617

<210> 540

<211> 1173

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 540

atggcgctgg taagctggct ggtggaacat ggcatcactt ccgagaagca gtggattcag 60

gagaatcagg agagctacct gtccttcaac tccacgggaa actctcggag ccagattaaa 120

gccgcgcttg acaacgcgtc aaaaattatg agtctgacca aatctgcctc agactatctc 180

gtgggacaga ctgttccaga ggacatttct gaaaacagaa tctggcagat ttttgatctc 240

aacggctacg acccggcata cgcgggctct gttctctacg gctggtgcac tcgcgccttt 300

ggaaagagga acaccgtctg gctgtatgga cccgcgacca ccggaaagac caacatcgcg 360

gaagccatct ctcacaccgt gccctttat ggctgtgtga actggactaa tgagaacttt 420

ccctttaatg actgtgtgga aaaaatgttg atctggtggg aggagggaaa gatgaccagc 480

aaggtggtgg aacccgccaa ggccatcttg ggggggtcta gagtacgagt ggatcaaaaa 540

tgtaaatcct ctgtacaagt agactctacc ccggtgatta tcacctccaa tactaacatg 600

tgtgtggtgg tggatgggaa ctccacgacc tttgaacacc agcagccgct ggaagaccgc 660

atgttcagat ttgaactcat gcggcggctc ccgccagatt ttggcaagat taccaagcag 720

gaagtcaaag actttttgc ttgggcaaag gtcaaccagg tgccggtgac tcacgagttt 780

atggttccca agaaagtggc gggaactgag agggcggaga cttctagaaa acgcccactg 840

gatgacgtca ccaataccaa ctataaaagt ccggagaagc gggcccggct ctcagttgtt 900

cctgagacgc ctcgcagttc agacgtgcct gtagagcccg ctcctctgcg acctctcaac 960

tggtcttcca ggtatgaatg cagatgtgac tatcatgcta aatttgactc tgtaacgggg 1020

gaatgtgacg agtgtgaata tttgaatcgg ggcaaaaatg gctgtatctt tcataatgct 1080

acacattgtc aaatttgtca cgctgttcct ccatgggaaa aggaaaatgt gtcagatttt 1140

aatgattttg atgactgtaa taaagagcag taa 1173

<210> 541

<211> 1833

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 541

atggctacct tctatgaagt cattgttcgc gttccatttg atgtggaaga gcacctgcct 60

ggaatttctg acaactttgt agactgggta actggtcaaa tttgggagct gcctcccgag 120

tcagatttga atttgactct gattgagcag cctcagctga cggtggctga cagaattcgc 180

cgcgtgttcc tgtacgagtg gaacaaattt tccaagcagg agagcaaatt ctttgtgcag 240

tttgaaaagg gatctgaata ttttcatctg cacacgctcg tggagacctc cggcatctct 300

tctatggtcc ttggccgcta cgtgagtcag attcgcgccc agctggtgaa ggtggtgttc 360

cagaacattg agccgcggat taacgactgg gtcgccatca ccaaggtaaa gaagggcgga 420

gccaataagg tggtggattc tgggtatatt cccgcctacc tgctgccgaa ggtccaacca 480

gagcttcagt gggcgtggac taacctcgaa gagtataaat tggccgccct caatctggag 540

gagcgcaaac ggctcgtcgc tcagtttcag cttgagtcct cgcagcgctc gcaagaggca 600

tcttcccaga gggacgtttc ggctgacccg gtcatcaaga gcaagacttc ccagaaatac 660

atggcgctgg taagctggct ggtggaacat ggcatcactt ccgagaagca gtggattcag 720

gagaatcagg agagctacct gtccttcaac tccacgggaa actctcggag ccagattaaa 780

gccgcgcttg acaacgcgtc aaaaattatg agtctgacca aatctgcctc agactatctc 840

gtgggacaga ctgttccaga ggacatttct gaaaacagaa tctggcagat ttttgatctc 900

aacggctacg acccggcata cgcgggctct gttctctacg gctggtgcac tcgcgccttt 960

ggaaagagga acaccgtctg gctgtatgga cccgcgacca ccggaaagac caacatcgcg 1020

gaagccatct ctcacaccgt gccctttat ggctgtgtga actggactaa tgagaacttt 1080

ccctttaatg actgtgtgga aaaaatgttg atctggtggg aggagggaaa gatgaccagc 1140

aaggtggtgg aacccgccaa ggccatcttg ggggggtcta gagtacgagt ggatcaaaaa 1200

tgtaaatcct ctgtacaagt agactctacc ccggtgatta tcacctccaa tactaacatg 1260

tgtgtggtgg tggatgggaa ctccacgacc tttgaacacc agcagccgct ggaagaccgc 1320

atgttcagat ttgaactcat gcggcggctc ccgccagatt ttggcaagat taccaagcag 1380

gaagtcaaag actttttgc ttgggcaaag gtcaaccagg tgccggtgac tcacgagttt 1440

atggttccca agaaagtggc gggaactgag agggcggaga cttctagaaa acgcccactg 1500

gatgacgtca ccaataccaa ctataaaagt ccggagaagc gggcccggct ctcagttgtt 1560

cctgagacgc ctcgcagttc agacgtgcct gtagagcccg ctcctctgcg acctctcaac 1620

tggtcttcca ggtatgaatg cagatgtgac tatcatgcta aatttgactc tgtaacgggg 1680

gaatgtgacg agtgtgaata tttgaatcgg ggcaaaaatg gctgtatctt tcataatgct 1740

acacattgtc aaatttgtca cgctgttcct ccatgggaaa aggaaaatgt gtcagatttt 1800

aatgattttg atgactgtaa taaagagcag taa 1833

<210> 542

<211> 2211

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 542

atgtcttttg ttgaccaccc tccagattgg ttggaatcga tcggcgacgg ctttcgtgaa 60

tttctcggcc ttgaggcggg tcccccgaaa cccaaggcca atcaacagaa gcaagataac 120

gctcgaggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tatcttggtc ctgggaacgg ccttgataag 180

ggcgatcctg tcaattttgc tgacgaggtt gcccgagagc acgacctctc ctaccagaaa 240

cagcttgagg cgggcgataa cccttacctc aagtacaacc acgcggacgc agagtttcag 300

gagaaactcg cttctgacac ttcttttggg ggaaaccttg ggaaggctgt tttccaggct 360

aaaaagagga ttctcgaacc tcttggcctg gttgagacgc cggataaaac ggcgcctgcg 420

gcaaaaaaga ggcctctaga gcagagtcct caagagccag actcctcgag cggagttggc 480

aagaaaggca aacagcctgc cagaaagaga ctcaactttg acgacgaacc tggagccgga 540

gacgggcctc ccccagaagg accatcttcc ggagctatgt ctactgagac tgaaatgcgt 600

gcagcagctg gcggaaatgg tggcgatgcg ggacaaggtg ccgagggagt gggtaatgcc 660

tccggtgatt ggcattgcga ttccacttgg tcagagagcc acgtcaccac cacctcaacc 720

cgcacctggg tcctgccgac ctacaacaac cacctgtacc tgcggctcgg ctcgagcaac 780

gccagcgaca ccttcaacgg attctccacc ccctggggat actttgactt taaccgcttc 840

cactgccact tctcgccaag agactggcaa aggctcatca acaaccactg gggactgcgc 900

cccaaaagca tgcaagtccg catcttcaac atccaagtta aggaggtcac gacgtctaac 960

ggggagacga ccgtatccaa caacctcacc agcacggtcc agatctttgc ggacagcacg 1020
tacgagctcc cgtacgtgat ggatgcaggt caggagggca gcttgcctcc tttccccaac 1080
gacgtgttca tggtgcctca gtacgggtac tgcggactgg taaccggagg cagctctcaa 1140
aaccagacag acagaaatgc cttctactgt ctggagtact ttcccagcca gatgctgaga 1200
accggaaaca actttgagat ggtgtacaag tttgaaaacg tgcccttcca ctccatgtac 1260
gctcacagcc agagcctgga taggctgatg aacccgctgc tggaccagta cctgtgggag 1320
ctccagtcta ccacctctgg aggaactctc aaccagggca attcagccac caactttgcc 1380

aagctgacca aaacaaactt ttctggctac cgcaaaaact ggctcccggg gcccatgatg 1440
aagcagcaga gattctccaa gactgccagt caaaactaca agattcccca gggaagaaac 1500
aacagtctgc tccattatga gaccagaact accctcgacg gaagatggag caattttgcc 1560
ccgggaacgg ccatggcaac cgcagccaac gacgccaccg acttctctca ggcccagctc 1620
atctttgcgg ggcccaacat caccggcaac accaccacag atgccaataa cctgatgttc 1680
acttcagaag atgaacttag ggccaccaac ccccgggaca ctgacctgtt tggccacctg 1740
gcaaccaacc agcaaaacgc caccaccgtt cctaccgtag acgacgtgga cggagtcggc 1800

gtgtacccgg gaatggtgtg gcaggacaga gacatttact accaagggcc catttgggcc 1860
aaaattccac acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcattggcgg atttggactg 1920
aaaagcccgc ctccacaaat attcatcaaa aacactcctg tacccgccaa tcccgcaacg 1980
accttctctc cggccagaat caacagcttc atcacccagt acagcaccgg acaggtggct 2040
gtcaaaatag aatgggaaat ccagaaggag cggtccaaga gatggaaccc agaggtccag 2100
ttcacgtcca actacggagc acaggactcg cttctctggg ctcccgacaa cgccggagcc 2160
tacaaagagc ccagggccat tggatcccga tacctcacca accacctcta g 2211

<210> 543
<211> 4694
<212> DNA
<213> Bovine adeno-associated virus
<400> 543
gtggcactcc ccccccctgtc gcgttcgctc gttcgctggc tcgattgggg gggtggcagc 60
tcaaagagct gccagacgac ggccctctgg gccgtcgccc ccccaatcga gccagcgaac 120
gagcgaacgc gacagggggg ggagtgccac actctctagc aagggggttt tgtaggtggt 180
gatgtcattg ttgatgtcat tatagttgtc acgcgatagt taatgattaa cagtcatgtg 240

atgtgtgtta tccaatagga tgaaagcgcg cgaatgagat ctcgcgagac ttccggggta 300
taaaaggggt gagtgaacga gcccgccgcc attctctgct ctggactgct agaggaccct 360

cgctgccatg gctaccttct atgaagtcat tgttcgcgtt ccatttgatg tggaagagca 420
cctgcctgga atttctgaca actttgtaga ctgggtaact ggtcaaattt gggagctgcc 480
tcccgagtca gatttgaatt tgactctgat tgagcagcct cagctgacgg tggctgacag 540
aattcgccgc gtgttcctgt acgagtggaa caaattttcc aagcaggaga gcaaattctt 600
tgtgcagttt gaaaagggat ctgaatattt tcatctgcac acgctcgtgg agacctccgg 660
catctcttct atggtccttg gccgctacgt gagtcagatt cgcgcccagc tggtgaaggt 720
ggtgttccag aacattgagc cgcggattaa cgactgggtc gccatcacca aggtaaagaa 780

gggcggagcc aataaggtgg tggattctgg gtatattccc gcctacctgc tgccgaaggt 840
ccaaccagag cttcagtggg cgtggactaa cctcgaagag tataaattgg ccgccctcaa 900
tctggaggag cgcaaacggc tcgtcgctca gtttcagctt gagtcctcgc agcgctcgca 960
agaggcatct tcccagaggg acgtttcggc tgacccggtc atcaagagca agacttccca 1020
gaaatacatg gcgctggtaa gctggctggt ggaacatggc atcacttccg agaagcagtg 1080
gattcaggag aatcaggaga gctacctgtc cttcaactcc acgggaaact ctcggagcca 1140
gattaaagcc gcgcttgaca acgcgtcaaa aattatgagt ctgaccaaat ctgcctcaga 1200

ctatctcgtg ggacagactg ttccagagga catttctgaa aacagaatct ggcagatttt 1260
tgatctcaac ggctacgacc cggcatacgc gggctctgtt ctctacggct ggtgcactcg 1320
cgcctttgga aagaggaaca ccgtctggct gtatggaccc gcgaccaccg gaaagaccaa 1380
catcgcggaa gccatctctc acaccgtgcc cttttatggc tgtgtgaact ggactaatga 1440
gaactttccc tttaatgact gtgtggaaaa aatgttgatc tggtgggagg agggaaagat 1500
gaccagcaag gtggtggaac ccgccaaggc catcttgggg gggtctagag tacgagtgga 1560
tcaaaaatgt aaatcctctg tacaagtaga ctctaccccg gtgattatca cctccaatac 1620

taacatgtgt gtggtggtgg atgggaactc cacgaccttt gaacaccagc agccgctgga 1680
agaccgcatg ttcagatttg aactcatgcg gcggctcccg ccagattttg gcaagattac 1740
caagcaggaa gtcaaagact tttttgcttg ggcaaaggtc aaccaggtgc cggtgactca 1800
cgagtttatg gttcccaaga aagtggcggg aactgagagg gcggagactt ctagaaaacg 1860
cccactggat gacgtcacca ataccaacta taaaagtccg gagaagcggg cccggctctc 1920
agttgttcct gagacgcctc gcagttcaga cgtgcctgta gagcccgctc ctctgcgacc 1980

tctcaactgg tcttccaggt atgaatgcag atgtgactat catgctaaat ttgactctgt 2040

aacgggggaa tgtgacgagt gtgaatattt gaatcggggc aaaaatggct gtatctttca 2100
taatgctaca cattgtcaaa tttgtcacgc tgttcctcca tgggaaaagg aaaatgtgtc 2160
agattttaat gattttgatg actgtaataa agagcagtaa ataaagtgag tagtcatgtc 2220
ttttgttgac caccctccag attggttgga atcgatcggc gacggctttc gtgaatttct 2280
cggccttgag gcgggtcccc cgaaacccaa ggccaatcaa cagaagcaag ataacgctcg 2340
aggtcttgtg cttcctgggt acaagtatct tggtcctggg aacggccttg ataagggcga 2400
tcctgtcaat tttgctgacg aggttgcccg agagcacgac ctctcctacc agaaacagct 2460

tgaggcgggc gataaccctt acctcaagta caaccacgcg gacgcagagt ttcaggagaa 2520
actcgcttct gacacttctt ttgggggaaa ccttgggaag gctgttttcc aggctaaaaa 2580
gaggattctc gaacctcttg gcctggttga gacgccggat aaaacggcgc ctgcggcaaa 2640
aaagaggcct ctagagcaga gtcctcaaga gccagactcc tcgagcggag ttggcaagaa 2700
aggcaaacag cctgccagaa agagactcaa ctttgacgac gaacctggag ccggagacgg 2760
gcctccccca gaaggaccat cttccggagc tatgtctact gagactgaaa tgcgtgcagc 2820
agctggcgga aatggtggcg atgcgggaca aggtgccgag ggagtgggta atgcctccgg 2880

tgattggcat tgcgattcca cttggtcaga gagccacgtc accaccacct caacccgcac 2940
ctgggtcctg ccgacctaca acaaccacct gtacctgcgg ctcggctcga gcaacgccag 3000
cgacaccttc aacggattct ccacccccctg gggatacttt gactttaacc gcttccactg 3060
ccacttctcg ccaagagact ggcaaaggct catcaacaac cactggggac tgcgccccaa 3120
aagcatgcaa gtccgcatct tcaacatcca agttaaggag gtcacgacgt ctaacgggga 3180
gacgaccgta tccaacaacc tcaccagcac ggtccagatc tttgcggaca gcacgtacga 3240
gctcccgtac gtgatggatg caggtcagga gggcagcttg cctcctttcc ccaacgacgt 3300

gttcatggtg cctcagtacg ggtactgcgg actggtaacc ggaggcagct ctcaaaacca 3360
gacagacaga aatgccttct actgtctgga gtactttccc agccagatgc tgagaaccgg 3420
aaacaacttt gagatggtgt acaagtttga aaacgtgccc ttccactcca tgtacgctca 3480
cagccagagc ctggataggc tgatgaaccc gctgctggac cagtacctgt gggagctcca 3540
gtctaccacc tctggaggaa ctctcaacca gggcaattca gccaccaact ttgccaagct 3600
gaccaaaaca aacttttctg gctaccgcaa aaactggctc ccggggccca tgatgaagca 3660
gcagagattc tccaagactg ccagtcaaaa ctacaagatt ccccagggaa gaaacaacag 3720

tctgctccat tatgagacca gaactaccct cgacggaaga tggagcaatt ttgccccggg 3780

aacggccatg gcaaccgcag ccaacgacgc caccgacttc tctcaggccc agctcatctt 3840

tgcggggccc aacatcaccg gcaacaccac cacagatgcc aataacctga tgttcacttc 3900

agaagatgaa cttagggcca ccaacccccg ggacactgac ctgtttggcc acctggcaac 3960

caaccagcaa aacgccacca ccgttcctac cgtagacgac gtggacggag tcggcgtgta 4020

cccgggaatg gtgtggcagg acagagacat ttactaccaa gggcccattt gggccaaaat 4080

tccacacacg gatggacact ttcacccgtc tcctctcatt ggcggatttg gactgaaaag 4140

cccgcctcca caaatattca tcaaaaacac tcctgtaccc gccaatcccg caacgacctt 4200

ctctccggcc agaatcaaca gcttcatcac ccagtacagc accggacagg tggctgtcaa 4260

aatagaatgg gaaatccaga aggagcggtc caagagatgg aacccagagg tccagttcac 4320

gtccaactac ggagcacagg actcgcttct ctgggctccc gacaacgccg gagcctacaa 4380

agagcccagg gccattggat cccgatacct caccaaccac ctctagccca attctgttgc 4440

ataccctcaa taaaccgtgt attcgtttca gtaaaatact gcctcttgtg gtcattcggc 4500

gtacaacagc ttacaacaac aacaaaaccc ccttgctaga gagtgtggca ctccccccc 4560

tgtcgcgttc gctcgttcgc tggctcgatt gggggggtgg cagctcaaag agctgccaga 4620

cgacggccct ctgggccgtc gcccccccaa tcgagccagc gaacgagcga acgcgacagg 4680

ggggggagtg ccac 4694

<210> 544

<211> 390

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 544

Met Ala Leu Val Ser Trp Leu Val Glu His Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asn Gln Glu Ser Tyr Leu Ser Phe Asn Ser Thr

20 25 30

Gly Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Ser Ala Ser Asp Tyr Leu Val Gly Gln Thr

50 55 60

Val Pro Glu Asp Ile Ser Glu Asn Arg Ile Trp Gln Ile Phe Asp Leu

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Leu Tyr Gly Trp Cys

85 90 95

Thr Arg Ala Phe Gly Lys Arg Asn Thr Val Trp Leu Tyr Gly Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ser His Thr Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Val Glu Lys Met Leu Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ser

145 150 155 160

Lys Val Val Glu Pro Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Val Gln Val Asp Ser Thr Pro Val

180 185 190

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Val Val Val Asp Gly Asn Ser

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Arg Phe

210 215 220

Glu Leu Met Arg Arg Leu Pro Pro Asp Phe Gly Lys Ile Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Ala Trp Ala Lys Val Asn Gln Val Pro Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Met Val Pro Lys Lys Val Ala Gly Thr Glu Arg Ala

260 265 270

Glu Thr Ser Arg Lys Arg Pro Leu Asp Asp Val Thr Asn Thr Asn Tyr

275 280 285

Lys Ser Pro Glu Lys Arg Ala Arg Leu Ser Val Val Pro Glu Thr Pro

290 295 300

Arg Ser Ser Asp Val Pro Val Glu Pro Ala Pro Leu Arg Pro Leu Asn

305 310 315 320

Trp Ser Ser Arg Tyr Glu Cys Arg Cys Asp Tyr His Ala Lys Phe Asp

325 330 335

Ser Val Thr Gly Glu Cys Asp Glu Cys Glu Tyr Leu Asn Arg Gly Lys

340 345 350

Asn Gly Cys Ile Phe His Asn Ala Thr His Cys Gln Ile Cys His Ala

355 360 365

Val Pro Pro Trp Glu Lys Glu Asn Val Ser Asp Phe Asn Asp Phe Asp

370 375 380

Asp Cys Asn Lys Glu Gln

385 390

<210> 545

<211> 610

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 545

Met Ala Thr Phe Tyr Glu Val Ile Val Arg Val Pro Phe Asp Val Glu

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Asn Phe Val Asp Trp Val Thr Gly

20 25 30

Gln Ile Trp Glu Leu Pro Pro Glu Ser Asp Leu Asn Leu Thr Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Pro Gln Leu Thr Val Ala Asp Arg Ile Arg Arg Val Phe Leu

50 55 60

Tyr Glu Trp Asn Lys Phe Ser Lys Gln Glu Ser Lys Phe Phe Val Gln

65 70 75 80

Phe Glu Lys Gly Ser Glu Tyr Phe His Leu His Thr Leu Val Glu Thr

85 90 95

Ser Gly Ile Ser Ser Met Val Leu Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile Arg

100 105 110

Ala Gln Leu Val Lys Val Val Phe Gln Asn Ile Glu Pro Arg Ile Asn

115 120 125

Asp Trp Val Ala Ile Thr Lys Val Lys Lys Gly Gly Ala Asn Lys Val

130 135 140

Val Asp Ser Gly Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Leu Pro Lys Val Gln Pro

145 150 155 160

Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Leu Glu Glu Tyr Lys Leu Ala Ala

165 170 175

Leu Asn Leu Glu Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln Phe Gln Leu Glu

180 185 190

Ser Ser Gln Arg Ser Gln Glu Ala Ser Ser Gln Arg Asp Val Ser Ala

195 200 205

Asp Pro Val Ile Lys Ser Lys Thr Ser Gln Lys Tyr Met Ala Leu Val

210 215 220

Ser Trp Leu Val Glu His Gly Ile Thr Ser Glu Lys Gln Trp Ile Gln

225 230 235 240

Glu Asn Gln Glu Ser Tyr Leu Ser Phe Asn Ser Thr Gly Asn Ser Arg

245 250 255

Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys Ile Met Ser Leu

260 265 270

Thr Lys Ser Ala Ser Asp Tyr Leu Val Gly Gln Thr Val Pro Glu Asp

275 280 285

Ile Ser Glu Asn Arg Ile Trp Gln Ile Phe Asp Leu Asn Gly Tyr Asp

290 295 300

Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Leu Tyr Gly Trp Cys Thr Arg Ala Phe

305 310 315 320

Gly Lys Arg Asn Thr Val Trp Leu Tyr Gly Pro Ala Thr Thr Gly Lys

325 330 335

Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ser His Thr Val Pro Phe Tyr Gly Cys

340 345 350

Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp Cys Val Glu Lys

355 360 365

Met Leu Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ser Lys Val Val Glu

370 375 380

Pro Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg Val Asp Gln Lys

385 390 395 400

Cys Lys Ser Ser Val Gln Val Asp Ser Thr Pro Val Ile Ile Thr Ser

405 410 415

Asn Thr Asn Met Cys Val Val Val Asp Gly Asn Ser Thr Thr Phe Glu

420 425 430

His Gln Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Arg Phe Glu Leu Met Arg

435 440 445

Arg Leu Pro Pro Asp Phe Gly Lys Ile Thr Lys Gln Glu Val Lys Asp

450 455 460

Phe Phe Ala Trp Ala Lys Val Asn Gln Val Pro Val Thr His Glu Phe

465 470 475 480

Met Val Pro Lys Lys Val Ala Gly Thr Glu Arg Ala Glu Thr Ser Arg

485 490 495

Lys Arg Pro Leu Asp Asp Val Thr Asn Thr Asn Tyr Lys Ser Pro Glu

500 505 510

Lys Arg Ala Arg Leu Ser Val Val Pro Glu Thr Pro Arg Ser Ser Asp

515 520 525

Val Pro Val Glu Pro Ala Pro Leu Arg Pro Leu Asn Trp Ser Ser Arg

530 535 540

Tyr Glu Cys Arg Cys Asp Tyr His Ala Lys Phe Asp Ser Val Thr Gly

545 550 555 560

Glu Cys Asp Glu Cys Glu Tyr Leu Asn Arg Gly Lys Asn Gly Cys Ile

565 570 575

Phe His Asn Ala Thr His Cys Gln Ile Cys His Ala Val Pro Pro Trp

580 585 590

Glu Lys Glu Asn Val Ser Asp Phe Asn Asp Phe Asp Asp Cys Asn Lys

595 600 605

Glu Gln

610

<210> 546

<211> 538

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 546

Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala
1 5 10 15

Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
20 25 30

Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45

Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Ser Ser Asn Ala Ser
50 55 60

Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
65 70 75 80

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
85 90 95

Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn
100 105 110

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ser
115 120 125

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu
130 135 140

Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe
145 150 155 160

Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val
165 170 175

Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys
180 185 190

Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu
195 200 205

Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His

210 215 220

Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu

225 230 235 240

Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly Thr Leu Asn Gln Gly Asn

245 250 255

Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys Thr Asn Phe Ser Gly Tyr

260 265 270

Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Lys Gln Gln Arg Phe Ser

275 280 285

Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Gln Gly Arg Asn Asn Ser

290 295 300

Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Asn

305 310 315 320

Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala Ala Asn Asp Ala Thr Asp

325 330 335

Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Ile Thr Gly Asn

340 345 350

Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu

355 360 365

Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly His Leu Ala Thr

370 375 380

Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr Val Asp Asp Val Asp Gly

385 390 395 400

Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr

405 410 415

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His

420 425 430

Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln

435 440 445

Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe

450 455 460

Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

465 470 475 480

Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

485 490 495

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser

500 505 510

Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala

515 520 525

Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

530 535

<210> 547

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 547

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu
165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala
180 185 190
Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly
195 200 205
Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu
245 250 255
Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp
260 265 270
Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp
275 280 285
Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met
290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn
305 310 315 320
Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val His Ile Phe
325 330 335
Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
340 345 350

Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp
370 375 380
Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly
435 440 445
Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Asn
450 455 460
Lys Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met
465 470 475 480
Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
485 490 495

Gln Gly Gly Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu
500 505 510
Asp Arg Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala
515 520 525
Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly
530 535 540
Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe
545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu
565 570 575
Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr
580 585 590
Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720

Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735

<210> 548

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 548

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu
165 170 175
Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala
180 185 190

Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly
195 200 205
Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu
245 250 255

Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp
260 265 270
Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp
275 280 285
Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met
290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn
305 310 315 320

Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe
325 330 335
Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
340 345 350
Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
355 360 365
Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp
370 375 380

Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly
435 440 445

Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys
450 455 460
Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met
465 470 475 480
Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
485 490 495
Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu
500 505 510

Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala
515 520 525
Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly
530 535 540
Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe

545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu

565 570 575

Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr

580 585 590

Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720

Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735

<210> 549

<211> 736

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 549

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu

165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala

180 185 190

Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly

195 200 205

Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu

245 250 255

Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp

260 265 270

Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

275 280 285

Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met

290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn

305 310 315 320

Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe

325 330 335

Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu

340 345 350

Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr

355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp

370 375 380

Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly

435 440 445

Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys

450 455 460

Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met

465 470 475 480

Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro

485 490 495

Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu

500 505 510

Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala

515 520 525

Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly

530 535 540

Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe

545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu

565 570 575

Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr

580 585 590

Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720

Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735

<210> 550

<211> 600

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 550

Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu
1 5 10 15

Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg
20 25 30

Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro
35 40 45

Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg
50 55 60

Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly
65 70 75 80

Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu
85 90 95

Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr
100 105 110

Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr
115 120 125

Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
130 135 140

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His
145 150 155 160

Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln
165 170 175

Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn
180 185 190

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro
195 200 205

Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn
210 215 220

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly
225 230 235 240

Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu
245 250 255
Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val
260 265 270
Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln
275 280 285
Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu
290 295 300

Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala
305 310 315 320
Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys
325 330 335
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr
340 345 350
Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu
355 360 365

His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala
370 375 380
Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser
385 390 395 400
Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr
405 410 415
Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala
420 425 430

Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln
435 440 445
Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly
450 455 460
Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly
465 470 475 480
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser

485 490 495

Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe
500 505 510
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro
515 520 525
Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala
530 535 540
Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn
545 550 555 560

Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu
565 570 575
Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly
580 585 590
Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
595 600

<210> 551
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 551
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ttggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 552

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 552

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 553
<211> 736
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 553
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 554

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 554

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Glu Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 555

<211> 2181

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 555

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcacaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgcacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact attggggctt cagaccccgg 900

tctctcagag tcaaaatctt caacatccaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccaa 1020

ctcccgtacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc cccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ctacgcgacg ctgaaccgag acaacggaga caacccgaca 1140

gagcggagca gcttcttttg cctagagtac tttcccagca agatgctgag gacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacag ctttgaagag gtgcccttcc actgcagctt cgccccgagc 1260

cagaacctct ttaagctggc caacccgctg gtggaccagt acctgtaccg cttcgtgagc 1320

acctcggcca cgggcgccat ccagttccaa aagaacctgg cgggcagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacac gagctctggg 1440

gtcagcagca ccaacagagt cagcgtcaac aacttttccg tctcaaaccg gatgaacctg 1500

gagggggcca gctaccaagt gaacccccag cccaacggga tgacaaacac gctccaaggc 1560

agcaaccgct acgcgctgga aaacaccatg atcttcaacg ctcaaaacgc cacgccggga 1620

actacctcgg tgtacccaga ggacaatcta ctgctgacca gcgagagcga gactcagccc 1680

gtcaaccggg tggcttacaa cacgggcggt cagatggcca ccaacgccca gaacgccacc 1740

acggctccca cggtcgggac ctacaacctc caggaagtgc ttcctggcag cgtatggatg 1800

gagagggacg tgtacctcca aggacccatc tgggccaaga tcccagagac gggggcgcac 1860

tttcacccct ctccggccat gggcggattc ggactcaaac acccgccgcc catgatgctc 1920

atcaaaaaca cgccggtgcc cggcaacatc accagcttct cggacgtgcc cgtcagcagc 1980

ttcatcaccc agtacagcac cgggcaggtc accgtggaga tggaatggga gctcaaaaag 2040

gaaaactcca agaggtggaa cccagagatc cagtacacca acaactacaa cgacccccag 2100

tttgtggact ttgctccaga cggctccggc gaatacagaa ccaccagagc catcggaacc 2160

cgatacctca cccgacccct t 2181

<210> 556

<211> 726

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 556

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Gly Asp Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu Glu Val Pro Phe His Cys Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Ser Ala Thr Gly Ala Ile Gln
435 440 445
Phe Gln Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Thr Ser Ser Gly

465 470 475 480

Ser Ser Thr Asn Arg Val Ser Val Asn Asn Phe Ser Val Ser Asn Arg

485 490 495

Met Asn Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Asn Pro Gln Pro Asn Gly

500 505 510

Met Thr Asn Thr Leu Gln Gly Ser Asn Arg Tyr Ala Leu Glu Asn Thr

515 520 525

Met Ile Phe Asn Ala Gln Asn Ala Thr Pro Gly Thr Thr Ser Val Tyr

530 535 540

Pro Glu Asp Asn Leu Leu Leu Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val

545 550 555 560

Asn Arg Val Ala Tyr Asn Thr Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Ala Gln

565 570 575

Asn Ala Thr Thr Ala Pro Thr Val Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Val

580 585 590

Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

595 600 605

Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro

610 615 620

Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile

625 630 635 640

Lys Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro

645 650 655

Val Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu

660 665 670

Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

675 680 685

Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala

690 695 700

Pro Asp Gly Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Ala Ile Gly Thr Arg

705 710 715 720

Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725

<210> 557

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 557

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 558

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 558

acggctccga ccggagacaa gcggaaaggc gaagacgaac ctcgtttgcc cgacacttct 60

tcacagactc ccaagaaaaa caagaagcct cgcaaggaaa gaccttccgg cggggcagaa 120

gatccgggcg aaggcacctc ttccaacgct ggagcagcag cacccgcctc tagtgtggga 180

tcatctatca tggctgaagg aggtggcggc ccagtgggcg atgcaggcca gggtgccgat 240

ggagtgggca attcctccgg aaattggcat tgcgattccc aatggctgga aaacggagtc 300

gtcactcgaa ccacccgaac ctgggtcttg cccagctaca acaaccacct gtacaaacga 360

atccaaggac ccagcggagg cgacaacaac aacaaattct ttggattcag cacccccctgg 420

ggatactttg actacaatcg attccactgc cacttttccc cgcgagactg gcaacgactc 480

atcaacaaca actggggcat ccgtcccaaa gcgatgcgct ttagactctt taacatccag 540

gttaaagagg tcacggtcca agacttcaac accaccatcg gcaacaacct caccagtacg 600

gtccaggtct ttgcggacaa ggactaccaa ctgccgtacg tcctcggatc ggctaccgaa 660

ggcaccttcc cgccgttccc agcggatatc tacacgatcc cgcagtacgg gtactgcacg 720

ctaaactaca acaacgaggc ggtggatcgt tcggccttct actgtctgga ctactttccc 780

tcagacatgc tgcggacagg aaataacttt gagtttactt acaccttcga ggacgttcct 840

ttccatagca tgtttgccca caaccagacg ctagaccggc tgatgaatcc cctcgtggat 900

cagtacctct gggctttcag ctccgtcagc caagcaggct catctggacg agctcttcat 960

tactcgcggg cgactaaaac caacatggcg gctcaatata ggaactggtt acctgggcct 1020

ttcttccgtg atcagcaaat ctttacgggc gctagcaaca tcactaaaaa taacgtcttt 1080

agcgtttggg aaaaaggcaa gcaatgggaa ctcgacaatc ggaccaacct aatgcagccc 1140

ggtcctgcgg cagcgaccac ctttagcgga gaacctgacc gtcaagccat gcaaaacacg 1200

ctggctttta gcaggaccgt ctacgatcaa acgaccgcca cgaccgatcg taaccagata 1260

ctcatcacca acgaagacga aatcagaccc accaactcgg tcggtatcga cgcgtgggga 1320

gcagttccca ccaacaacca gtcgatcgtg acccccggca ctcgcgcggc cgtcaacaat 1380

caaggggcgc ttcccgggat ggtgtggcaa aacagagaca tttaccctac agggacccat 1440

ttggccaaaa ttcccgacac tgacaatcac ttccatccgt ccccgcttat tgggcggttt 1500

ggctgcaagc atccccctcc ccagattttc attaaaaaca cacccgtccc tgccaaccct 1560

tcggaaacgt tccagacggc caaagtggcc tccttcatca accagtactc gaccggacag 1620

tgcaccgtcg aaatcttttg ggaactcaag aaggaaacct ccaagcgctg gaaccccgaa 1680

atccagttca cctccaactt tggcaacgcg gccgacatcc agtttgccgt ctccgacacg 1740

ggatcctatt ccgaacctcg tcccatcggt acccgttacc ttaccaaacc tctgtaa 1797

<210> 559

<211> 1989

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 559

atgaggtcgt actacgaggt catcgttcag ctgcccaacg acgtcgagag tcaggtacct 60

ggaatctccg attcgttcgt caactggatt acgtcgcgag aatggacgtt gcctgaggac 120

gccgattggg atttggacca ggtcgatcaa gttcaactga cgctcggcga caaaatccaa 180

cgggagattc gaactcattg ggggacgatg gccaaagaac cggactttca ctattttatc 240

caactggaac aaggtgaggt gttctttcat ttacacgtcc tgctggaaac gtgttccgta 300

aagccgatgg tactcggaag atatatccga catattcaac aaaaaattgt gagtaaagtc 360

tactgcgcca cgagcctacg atggaaggat ggatgcgtgg tgaccaagac caaaaatttc 420

gggggcgcga acaaggtccg ggccgagtcg tatattcccg cctacctgat cccgaaacag 480

caaccggaag tgcagtgggc gtggactaac gtgcccgagt atataaaagc gtgcttgcac 540

cgagaactgc gtgccagtct cgcgcgactt cacttcgagg aggcgggcgt ctcgcaatcc 600

aaggaaaatc tcgcgagaac tgcagacggc gctcccgtga tgccgacccg cgtcagcaaa 660

cgctacatgg agctcgtgga ttggctcgtg gagaagggga tcaccaccga gaaggaatgg 720

ctgctggaaa acagagaaag ctttcggagc tttcaggcct cgagcaactc ggcgcgtcag 780

atcaagacgg ccctgcaagg cgccattcag gagatgcttc tgaccaagac ggcggaggac 840
tacctcgtcg gaaaggatcc cgtctcggac gacgacatcc gtcagaaccg catctacaag 900
attctggaac tgaaccacta cgacccagcg tacgtgggga gtattttggt cgggtggtgc 960
cagaagaaat ggggcaagcg aaacacgctg tggctgttcg gacatgcgac caccggcaag 1020
accaacatcg cggaggctat tgcccatgct gtgccgttct atggatgcgt taactggacc 1080
aacgagaact ttccgttcaa cgactgcgtc gaaaaaatga ttatctggtg ggaggagggc 1140
aaaatgaccg ccaaagtggt ggaaacagcc aaggcgattc tgggaggatc tcgggtgaga 1200

gtggaccaaa aatgcaaagc ttcggttccg atcgaaccga cgccggtcat tattaccagt 1260
aacaccaaca tgtgttatgt catcgacggg aacacgacca cgttcgagca taagcagccg 1320
ttggaggaca ggatgtttaa gctcgaattg ctgactcggt tgcctgatga ctttggtaag 1380
gtgaccaaac aggaggtgcg tcaattcttc aggtggtctc aggatcacct gacccctgtg 1440
atcccagaat tcctagtgcg gaaggcggag tctcgcaaaa gacccgcccc ttccggggaa 1500
ggctatataa gcccgacaaa gcggcccgcg ctcgcagagc agcagcaggc gtcggagagc 1560
gcggacccgg ttcccaccag gtatcgtatc aaatgctcga aacattgcgg tatggataaa 1620

atgttgtttc cttgccaaat ttgtgaatcg atgaacagag atattaatat ttgtgctatt 1680
cataaaacga ccgactgtaa agagtgtttc cccgactacg gggataaaga tgatgtagaa 1740
ctacccccct gtacagaaca caacgtgtct cgttgttatc aatgtcattc gggcgaattg 1800
tatcgcgtga cttcggactc tgacgagaaa cctgcccccg agagtgatga aggcaccgag 1860
ccatcctatg ctccctgcac gattcaccac ctgatgggca agagtcacgg gttagtcact 1920
tgcgcggcgt gtcggttgaa aaatagtacg ttgcatgatg acttggatga cggtgatctc 1980
gaacaataa 1989

<210> 560
<211> 1626
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 560
atgaggtcgt actacgaggt catcgttcag ctgcccaacg acgtcgagag tcaggtacct 60
ggaatctccg attcgttcgt caactggatt acgtcgcgag aatggacgtt gcctgaggac 120

gccgattggg atttggacca ggtcgatcaa gttcaactga cgctcggcga caaaatccaa 180

cgggagattc gaactcattg ggggacgatg gccaaagaac cggactttca ctattttatc 240

caactggaac aaggtgaggt gttctttcat ttacacgtcc tgctggaaac gtgttccgta 300

aagccgatgg tactcggaag atatatccga catattcaac aaaaaattgt gagtaaagtc 360

tactgcgcca cgagcctacg atggaaggat ggatgcgtgg tgaccaagac caaaaatttc 420

gggggcgcga acaaggtccg ggccgagtcg tatattcccg cctacctgat cccgaaacag 480

caaccggaag tgcagtgggc gtggactaac gtgcccgagt atataaaagc gtgcttgcac 540

cgagaactgc gtgccagtct cgcgcgactt cacttcgagg aggcgggcgt ctcgcaatcc 600

aaggaaaatc tcgcgagaac tgcagacggc gctcccgtga tgccgacccg cgtcagcaaa 660

cgctacatgg agctcgtgga ttggctcgtg gagaagggga tcaccaccga gaaggaatgg 720

ctgctggaaa acagagaaag ctttcggagc tttcaggcct cgagcaactc ggcgcgtcag 780

atcaagacgg ccctgcaagg cgccattcag gagatgcttc tgaccaagac ggcggaggac 840

tacctcgtcg gaaaggatcc cgtctcggac gacgacatcc gtcagaaccg catctacaag 900

attctggaac tgaaccacta cgacccagcg tacgtgggga gtattttggt cgggtggtgc 960

cagaagaaat ggggcaagcg aaacacgctg tggctgttcg gacatgcgac caccggcaag 1020

accaacatcg cggaggctat tgcccatgct gtgccgttct atggatgcgt taactggacc 1080

aacgagaact ttccgttcaa cgactgcgtc gaaaaaatga ttatctggtg ggaggagggc 1140

aaaatgaccg ccaaagtggt ggaaacagcc aaggcgattc tgggaggatc tcgggtgaga 1200

gtggaccaaa aatgcaaagc ttcggttccg atcgaaccga cgccggtcat tattaccagt 1260

aacaccaaca tgtgttatgt catcgacggg aacacgacca cgttcgagca taagcagccg 1320

ttggaggaca ggatgtttaa gctcgaattg ctgactcggt tgcctgatga ctttggtaag 1380

gtgaccaaac aggaggtgcg tcaattcttc aggtggtctc aggatcacct gacccctgtg 1440

atcccagaat tcctagtgcg gaaggcggag tctcgcaaaa gacccgcccc ttccggggaa 1500

ggctatataa gcccgacaaa gcggcccgcg ctcgcagagc agcagcaggc gtcggagagc 1560

gcggacccgg ttcccaccag attggttgga gcggttggtc aaaaagggag tgaatgctgc 1620

agctga 1626

<210> 561

<211> 1323

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 561

atggagctcg tggattggct cgtggagaag gggatcacca ccgagaagga atggctgctg 60

gaaaacagag aaagctttcg gagctttcag gcctcgagca actcggcgcg tcagatcaag 120

acggccctgc aaggcgccat tcaggagatg cttctgacca agacggcgga ggactacctc 180

gtcggaaagg atcccgtctc ggacgacgac atccgtcaga accgcatcta caagattctg 240

gaactgaacc actacgaccc agcgtacgtg gggagtattt tggtcgggtg gtgccagaag 300

aaatggggca agcgaaacac gctgtggctg ttcggacatg cgaccaccgg caagaccaac 360

atcgcggagg ctattgccca tgctgtgccg ttctatggat gcgttaactg gaccaacgag 420

aactttccgt tcaacgactg cgtcgaaaaa atgattatct ggtgggagga gggcaaaatg 480

accgccaaag tggtggaaac agccaaggcg attctgggag gatctcgggt gagagtggac 540

caaaaatgca aagcttcggt tccgatcgaa ccgacgccgg tcattattac cagtaacacc 600

aacatgtgtt atgtcatcga cgggaacacg accacgttcg agcataagca gccgttggag 660

gacaggatgt ttaagctcga attgctgact cggttgcctg atgactttgg taaggtgacc 720

aaacaggagg tgcgtcaatt cttcaggtgg tctcaggatc acctgacccc tgtgatccca 780

gaattcctag tgcggaaggc ggagtctcgc aaaagacccg ccccttccgg ggaaggctat 840

ataagcccga caaagcggcc cgcgctcgca gagcagcagc aggcgtcgga gagcgcggac 900

ccggttccca ccaggtatcg tatcaaatgc tcgaaacatt gcggtatgga taaaatgttg 960

tttccttgcc aaatttgtga atcgatgaac agagatatta atatttgtgc tattcataaa 1020

acgaccgact gtaaagagtg tttccccgac tacggggata aagatgatgt agaactaccc 1080

ccctgtacag aacacaacgt gtctcgttgt tatcaatgtc attcgggcga attgtatcgc 1140

gtgacttcgg actctgacga gaaacctgcc cccgagagtg atgaaggcac cgagccatcc 1200

tatgctccct gcacgattca ccacctgatg ggcaagagtc acgggttagt cacttgcgcg 1260

gcgtgtcggt tgaaaaatag tacgttgcat gatgacttgg atgacggtga tctcgaacaa 1320

taa 1323

<210> 562

<211> 960

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 562

atggagctcg tggattggct cgtggagaag gggatcacca ccgagaagga atggctgctg 60

gaaaacagag aaagctttcg gagctttcag gcctcgagca actcggcgcg tcagatcaag 120

acggccctgc aaggcgccat tcaggagatg cttctgacca agacggcgga ggactacctc 180

gtcggaaagg atcccgtctc ggacgacgac atccgtcaga accgcatcta caagattctg 240

gaactgaacc actacgaccc agcgtacgtg gggagtattt tggtcgggtg gtgccagaag 300

aaatggggca agcgaaacac gctgtggctg ttcggacatg cgaccaccgg caagaccaac 360

atcgcggagg ctattgccca tgctgtgccg ttctatggat gcgttaactg gaccaacgag 420

aactttccgt tcaacgactg cgtcgaaaaa atgattatct ggtgggagga gggcaaaatg 480

accgccaaag tggtggaaac agccaaggcg attctgggag gatctcgggt gagagtggac 540

caaaaatgca aagcttcggt tccgatcgaa ccgacgccgg tcattattac cagtaacacc 600

aacatgtgtt atgtcatcga cgggaacacg accacgttcg agcataagca gccgttggag 660

gacaggatgt ttaagctcga attgctgact cggttgcctg atgactttgg taaggtgacc 720

aaacaggagg tgcgtcaatt cttcaggtgg tctcaggatc acctgacccc tgtgatccca 780

gaattcctag tgcggaaggc ggagtctcgc aaaagacccg ccccttccgg ggaaggctat 840

ataagcccga caaagcggcc cgcgctcgca gagcagcagc aggcgtcgga gagcgcggac 900

ccggttccca ccagattggt tggagcggtt ggtcaaaaag ggagtgaatg ctgcagctga 960

<210> 563

<211> 1608

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 563

atggctgaag gaggtggcgg cccagtgggc gatgcaggcc agggtgccga tggagtgggc 60

aattcctccg gaaattggca ttgcgattcc caatggctgg aaaacggagt cgtcactcga 120

accacccgaa cctgggtctt gcccagctac aacaaccacc tgtacaaacg aatccaagga 180

cccagcggag gcgacaacaa caacaaattc tttggattca gcacccccctg gggatacttt 240

gactacaatc gattccactg ccacttttcc ccgcgagact ggcaacgact catcaacaac 300

aactggggca tccgtcccaa agcgatgcgc tttagactct ttaacatcca ggttaaagag 360

gtcacggtcc aagacttcaa caccaccatc ggcaacaacc tcaccagtac ggtccaggtc 420

tttgcggaca aggactacca actgccgtac gtcctcggat cggctaccga aggcaccttc 480

ccgccgttcc cagcggatat ctacacgatc ccgcagtacg ggtactgcac gctaaactac 540

aacaacgagg cggtggatcg ttcggccttc tactgtctgg actactttcc ctcagacatg 600

ctgcggacag gaaataactt tgagtttact tacaccttcg aggacgttcc tttccatagc 660

atgtttgccc acaaccagac gctagaccgg ctgatgaatc ccctcgtgga tcagtacctc 720

tgggctttca gctccgtcag ccaagcaggc tcatctggac gagctcttca ttactcgcgg 780

gcgactaaaa ccaacatggc ggctcaatat aggaactggt tacctgggcc tttcttccgt 840

gatcagcaaa tctttacggg cgctagcaac atcactaaaa ataacgtctt tagcgtttgg 900

gaaaaaggca agcaatggga actcgacaat cggaccaacc taatgcagcc cggtcctgcg 960

gcagcgacca cctttagcgg agaacctgac cgtcaagcca tgcaaaacac gctggctttt 1020

agcaggaccg tctacgatca aacgaccgcc acgaccgatc gtaaccagat actcatcacc 1080

aacgaagacg aaatcagacc caccaactcg gtcggtatcg acgcgtgggg agcagttccc 1140

accaacaacc agtcgatcgt gacccccggc actcgcgcgg ccgtcaacaa tcaaggggcg 1200

cttcccggga tggtgtggca aaacagagac atttacccta cagggaccca tttggccaaa 1260

attcccgaca ctgacaatca cttccatccg tccccgctta ttgggcggtt tggctgcaag 1320

catccccctc cccagatttt cattaaaaac acacccgtcc ctgccaaccc ttcggaaacg 1380

ttccagacgg ccaaagtggc ctccttcatc aaccagtact cgaccggaca gtgcaccgtc 1440

gaaatctttt gggaactcaa gaaggaaacc tccaagcgct ggaaccccga aatccagttc 1500

acctccaact ttggcaacgc ggccgacatc cagtttgccg tctccgacac gggatcctat 1560

tccgaacctc gtcccatcgg tacccgttac cttaccaaac ctctgtaa 1608

<210> 564

<211> 2232

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 564

atgtctctca tttctgatgc gattccagat tggttggagc ggttggtcaa aaagggagtg 60

aatgctgcag ctgatttcta ccatttggaa agcggtcctc ctcgtcctaa ggcaaatcag 120

caaactcaag aatctcttga aaaggacgat tcgagaggtc tcgtgttccc aggctacaat 180

tatctaggcc ctttcaacgg tctagataaa ggagaacccg tcaacgaggc agacgctgcc 240

gccttagaac acgacaaggc ttacgacctc gaaatcaagg acgggcacaa cccgtacttt 300

gagtacaacg aggccgacag acgtttccag gaacgtctca aagacgatac ctcctttgga 360
ggcaatttag gtaaagccat cttccaggcc aaaaagaggg ttctcgaacc ctttggtctg 420
gtggaagact caaagacggc tccgaccgga gacaagcgga aaggcgaaga cgaacctcgt 480

ttgcccgaca cttcttcaca gactcccaag aaaaacaaga agcctcgcaa ggaaagacct 540
tccggcgggg cagaagatcc gggcgaaggc acctcttcca acgctggagc agcagcaccc 600
gcctctagtg tgggatcatc tatcatggct gaaggaggtg gcggcccagt gggcgatgca 660
ggccagggtg ccgatggagt gggcaattcc tccggaaatt ggcattgcga ttcccaatgg 720
ctggaaaacg gagtcgtcac tcgaaccacc cgaacctggg tcttgcccag ctacaacaac 780
cacctgtaca aacgaatcca aggacccagc ggaggcgaca acaacaacaa attctttgga 840
ttcagcaccc cctggggata ctttgactac aatcgattcc actgccactt ttccccgcga 900

gactggcaac gactcatcaa caacaactgg ggcatccgtc ccaaagcgat gcgctttaga 960
ctctttaaca tccaggttaa agaggtcacg gtccaagact tcaacaccac catcggcaac 1020
aacctcacca gtacggtcca ggtctttgcg gacaaggact accaactgcc gtacgtcctc 1080
ggatcggcta ccgaaggcac cttcccgccg ttcccagcgg atatctacac gatcccgcag 1140
tacgggtact gcacgctaaa ctacaacaac gaggcggtgg atcgttcggc cttctactgt 1200
ctggactact ttccctcaga catgctgcgg acaggaaata actttgagtt tacttacacc 1260
ttcgaggacg ttcctttcca tagcatgttt gcccacaacc agacgctaga ccggctgatg 1320

aatcccctcg tggatcagta cctctgggct ttcagctccg tcagccaagc aggctcatct 1380
ggacgagctc ttcattactc gcgggcgact aaaaccaaca tggcggctca atataggaac 1440
tggttacctg ggcctttctt ccgtgatcag caaatcttta cgggcgctag caacatcact 1500
aaaaataacg tctttagcgt ttgggaaaaa ggcaagcaat gggaactcga caatcggacc 1560
aacctaatgc agcccggtcc tgcggcagcg accaccttta gcggagaacc tgaccgtcaa 1620
gccatgcaaa acacgctggc ttttagcagg accgtctacg atcaaacgac cgccacgacc 1680
gatcgtaacc agatactcat caccaacgaa gacgaaatca gacccaccaa ctcggtcggt 1740

atcgacgcgt ggggagcagt tcccaccaac aaccagtcga tcgtgacccc cggcactcgc 1800
gcggccgtca acaatcaagg ggcgcttccc gggatggtgt ggcaaaacag agacatttac 1860
cctacaggga cccatttggc caaaattccc gacactgaca atcacttcca tccgtccccg 1920
cttattgggc ggtttggctg caagcatccc cctccccaga ttttcattaa aaacacaccc 1980
gtccctgcca acccttcgga aacgttccag acggccaaag tggcctcctt catcaaccag 2040
tactcgaccg gacagtgcac cgtcgaaatc ttttgggaac tcaagaagga aacctccaag 2100

cgctggaacc ccgaaatcca gttcacctcc aactttggca acgcggccga catccagttt 2160

gccgtctccg acacgggatc ctattccgaa cctcgtccca tcggtacccg ttaccttacc 2220

aaacctctgt aa 2232

<210> 565

<211> 535

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 565

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala
1 5 10 15

Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp
20 25 30

Leu Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45

Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly
50 55 60

Asp Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
65 70 75 80

Asp Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg
85 90 95

Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg
100 105 110

Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr
115 120 125

Thr Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys
130 135 140

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe
145 150 155 160

Pro Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys

165 170 175

Thr Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys

180 185 190

Leu Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu

195 200 205

Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His

210 215 220

Asn Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu

225 230 235 240

Trp Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu

245 250 255

His Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn

260 265 270

Trp Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala

275 280 285

Ser Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys

290 295 300

Gln Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala

305 310 315 320

Ala Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn

325 330 335

Thr Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr

340 345 350

Asp Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr

355 360 365

Asn Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln

370 375 380

Ser Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala

385 390 395 400

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr

405 410 415

His Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro
420 425 430
Leu Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile
435 440 445
Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala
450 455 460
Lys Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val
465 470 475 480

Glu Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro
485 490 495
Glu Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe
500 505 510
Ala Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
515 520 525
Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
530 535
<210> 566
<211> 440
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 566
Met Glu Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15
Glu Trp Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser
20 25 30
Ser Asn Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln
35 40 45
Glu Met Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp

50 55 60
Pro Val Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly

85 90 95

Trp Cys Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly

100 105 110

His Ala Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala

115 120 125

Val Pro Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe

130 135 140

Asn Asp Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met

145 150 155 160

Thr Ala Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg

165 170 175

Val Arg Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr

180 185 190

Pro Val Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly

195 200 205

Asn Thr Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe

210 215 220

Lys Leu Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr

225 230 235 240

Lys Gln Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr

245 250 255

Pro Val Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg

260 265 270

Pro Ala Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala

275 280 285

Leu Ala Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr

290 295 300

Arg Tyr Arg Ile Lys Cys Ser Lys His Cys Gly Met Asp Lys Met Leu

305 310 315 320

Phe Pro Cys Gln Ile Cys Glu Ser Met Asn Arg Asp Ile Asn Ile Cys
325 330 335
Ala Ile His Lys Thr Thr Asp Cys Lys Glu Cys Phe Pro Asp Tyr Gly
340 345 350
Asp Lys Asp Asp Val Glu Leu Pro Pro Cys Thr Glu His Asn Val Ser
355 360 365
Arg Cys Tyr Gln Cys His Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Thr Ser Asp

370 375 380
Ser Asp Glu Lys Pro Ala Pro Glu Ser Asp Glu Gly Thr Glu Pro Ser
385 390 395 400
Tyr Ala Pro Cys Thr Ile His His Leu Met Gly Lys Ser His Gly Leu
405 410 415
Val Thr Cys Ala Ala Cys Arg Leu Lys Asn Ser Thr Leu His Asp Asp
420 425 430
Leu Asp Asp Gly Asp Leu Glu Gln
435 440

<210> 567
<211> 319
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 567
Met Glu Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15
Glu Trp Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser
20 25 30
Ser Asn Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln
35 40 45

Glu Met Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp
50 55 60
Pro Val Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly

85 90 95

Trp Cys Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly

100 105 110

His Ala Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala

115 120 125

Val Pro Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe

130 135 140

Asn Asp Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met

145 150 155 160

Thr Ala Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg

165 170 175

Val Arg Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr

180 185 190

Pro Val Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly

195 200 205

Asn Thr Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe

210 215 220

Lys Leu Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr

225 230 235 240

Lys Gln Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr

245 250 255

Pro Val Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg

260 265 270

Pro Ala Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala

275 280 285

Leu Ala Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr

290 295 300

Arg Leu Val Gly Ala Val Gly Gln Lys Gly Ser Glu Cys Cys Ser

305 310 315

<210> 568

<211> 662

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 568

Met Arg Ser Tyr Tyr Glu Val Ile Val Gln Leu Pro Asn Asp Val Glu
1 5 10 15

Ser Gln Val Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Ile Thr Ser
20 25 30

Arg Glu Trp Thr Leu Pro Glu Asp Ala Asp Trp Asp Leu Asp Gln Val
35 40 45

Asp Gln Val Gln Leu Thr Leu Gly Asp Lys Ile Gln Arg Glu Ile Arg
50 55 60

Thr His Trp Gly Thr Met Ala Lys Glu Pro Asp Phe His Tyr Phe Ile
65 70 75 80

Gln Leu Glu Gln Gly Glu Val Phe Phe His Leu His Val Leu Leu Glu
85 90 95

Thr Cys Ser Val Lys Pro Met Val Leu Gly Arg Tyr Ile Arg His Ile
100 105 110

Gln Gln Lys Ile Val Ser Lys Val Tyr Cys Ala Thr Ser Leu Arg Trp
115 120 125

Lys Asp Gly Cys Val Val Thr Lys Thr Lys Asn Phe Gly Gly Ala Asn
130 135 140

Lys Val Arg Ala Glu Ser Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Ile Pro Lys Gln
145 150 155 160

Gln Pro Glu Val Gln Trp Ala Trp Thr Asn Val Pro Glu Tyr Ile Lys
165 170 175

Ala Cys Leu His Arg Glu Leu Arg Ala Ser Leu Ala Arg Leu His Phe
180 185 190

Glu Glu Ala Gly Val Ser Gln Ser Lys Glu Asn Leu Ala Arg Thr Ala

195 200 205

Asp Gly Ala Pro Val Met Pro Thr Arg Val Ser Lys Arg Tyr Met Glu

210 215 220

Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys Glu Trp

225 230 235 240

Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser Ser Asn

245 250 255

Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln Glu Met

260 265 270

Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp Pro Val

275 280 285

Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly Trp Cys

305 310 315 320

Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly His Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly Asn Thr

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Lys Leu

435 440 445

Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr Pro Val
465 470 475 480

Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala Leu Ala
500 505 510
Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr Arg Tyr
515 520 525
Arg Ile Lys Cys Ser Lys His Cys Gly Met Asp Lys Met Leu Phe Pro
530 535 540

Cys Gln Ile Cys Glu Ser Met Asn Arg Asp Ile Asn Ile Cys Ala Ile
545 550 555 560
His Lys Thr Thr Asp Cys Lys Glu Cys Phe Pro Asp Tyr Gly Asp Lys
565 570 575
Asp Asp Val Glu Leu Pro Pro Cys Thr Glu His Asn Val Ser Arg Cys
580 585 590
Tyr Gln Cys His Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Thr Ser Asp Ser Asp
595 600 605

Glu Lys Pro Ala Pro Glu Ser Asp Glu Gly Thr Glu Pro Ser Tyr Ala
610 615 620
Pro Cys Thr Ile His His Leu Met Gly Lys Ser His Gly Leu Val Thr
625 630 635 640
Cys Ala Ala Cys Arg Leu Lys Asn Ser Thr Leu His Asp Asp Leu Asp
645 650 655
Asp Gly Asp Leu Glu Gln
660
<210> 569
<211> 541
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 569

Met Arg Ser Tyr Tyr Glu Val Ile Val Gln Leu Pro Asn Asp Val Glu
1 5 10 15

Ser Gln Val Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Ile Thr Ser
20 25 30

Arg Glu Trp Thr Leu Pro Glu Asp Ala Asp Trp Asp Leu Asp Gln Val
35 40 45

Asp Gln Val Gln Leu Thr Leu Gly Asp Lys Ile Gln Arg Glu Ile Arg
50 55 60

Thr His Trp Gly Thr Met Ala Lys Glu Pro Asp Phe His Tyr Phe Ile
65 70 75 80

Gln Leu Glu Gln Gly Glu Val Phe Phe His Leu His Val Leu Leu Glu
85 90 95

Thr Cys Ser Val Lys Pro Met Val Leu Gly Arg Tyr Ile Arg His Ile
100 105 110

Gln Gln Lys Ile Val Ser Lys Val Tyr Cys Ala Thr Ser Leu Arg Trp
115 120 125

Lys Asp Gly Cys Val Val Thr Lys Thr Lys Asn Phe Gly Gly Ala Asn
130 135 140

Lys Val Arg Ala Glu Ser Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Ile Pro Lys Gln
145 150 155 160

Gln Pro Glu Val Gln Trp Ala Trp Thr Asn Val Pro Glu Tyr Ile Lys
165 170 175

Ala Cys Leu His Arg Glu Leu Arg Ala Ser Leu Ala Arg Leu His Phe
180 185 190

Glu Glu Ala Gly Val Ser Gln Ser Lys Glu Asn Leu Ala Arg Thr Ala
195 200 205

Asp Gly Ala Pro Val Met Pro Thr Arg Val Ser Lys Arg Tyr Met Glu

210 215 220

Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys Glu Trp

225 230 235 240

Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser Ser Asn

245 250 255

Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln Glu Met

260 265 270

Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp Pro Val

275 280 285

Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly Trp Cys

305 310 315 320

Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly His Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly Asn Thr

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Lys Leu

435 440 445

Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr Pro Val

465 470 475 480

Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala Leu Ala

500 505 510

Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr Arg Leu

515 520 525

Val Gly Ala Val Gly Gln Lys Gly Ser Glu Cys Cys Ser

530 535 540

<210> 570

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 570

Met Ser Leu Ile Ser Asp Ala Ile Pro Asp Trp Leu Glu Arg Leu Val

1 5 10 15

Lys Lys Gly Val Asn Ala Ala Ala Asp Phe Tyr His Leu Glu Ser Gly

20 25 30

Pro Pro Arg Pro Lys Ala Asn Gln Gln Thr Gln Glu Ser Leu Glu Lys

35 40 45

Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Phe Pro Gly Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro

50 55 60

Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala

65 70 75 80

Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Leu Glu Ile Lys Asp Gly His

85 90 95

Asn Pro Tyr Phe Glu Tyr Asn Glu Ala Asp Arg Arg Phe Gln Glu Arg

100 105 110

Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Lys Ala Ile Phe

115 120 125

Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe Gly Leu Val Glu Asp Ser

130 135 140

Lys Thr Ala Pro Thr Gly Asp Lys Arg Lys Gly Glu Asp Glu Pro Arg

145 150 155 160

Leu Pro Asp Thr Ser Ser Gln Thr Pro Lys Lys Asn Lys Lys Pro Arg

165 170 175

Lys Glu Arg Pro Ser Gly Gly Ala Glu Asp Pro Gly Glu Gly Thr Ser

180 185 190

Ser Asn Ala Gly Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Val Gly Ser Ser Ile

195 200 205

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala

210 215 220

Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp

225 230 235 240

Leu Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

245 250 255

Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly

260 265 270

Asp Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe

275 280 285

Asp Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg

290 295 300

Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg

305 310 315 320

Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr

325 330 335

Thr Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys

340 345 350

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe

355 360 365

Pro Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys

370 375 380

Thr Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys

385 390 395 400

Leu Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu

405 410 415

Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His

420 425 430

Asn Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu

435 440 445

Trp Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu

450 455 460

His Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn

465 470 475 480

Trp Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala

485 490 495

Ser Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys

500 505 510

Gln Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala

515 520 525

Ala Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn

530 535 540

Thr Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr

545 550 555 560

Asp Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr

565 570 575

Asn Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln

580 585 590

Ser Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr

610 615 620

His Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala

660 665 670

Lys Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val

675 680 685

Glu Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe

705 710 715 720

Ala Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu

740

<210> 571

<211> 598

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 571

Thr Ala Pro Thr Gly Asp Lys Arg Lys Gly Glu Asp Glu Pro Arg Leu

1 5 10 15

Pro Asp Thr Ser Ser Gln Thr Pro Lys Lys Asn Lys Lys Pro Arg Lys

20 25 30

Glu Arg Pro Ser Gly Gly Ala Glu Asp Pro Gly Glu Gly Thr Ser Ser

35 40 45

Asn Ala Gly Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Val Gly Ser Ser Ile Met

50 55 60

Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala Asp
65 70 75 80

Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu
85 90 95
Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser
100 105 110
Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly Asp
115 120 125
Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp
130 135 140

Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu
145 150 155 160
Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg Leu
165 170 175
Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr Thr
180 185 190
Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys Asp
195 200 205

Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe Pro
210 215 220
Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr
225 230 235 240
Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu
245 250 255
Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe
260 265 270

Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His Asn
275 280 285
Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Trp
290 295 300
Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu His

305 310 315 320

Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn Trp

325 330 335

Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala Ser

340 345 350

Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys Gln

355 360 365

Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala Ala

370 375 380

Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn Thr

385 390 395 400

Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr Asp

405 410 415

Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr Asn

420 425 430

Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln Ser

435 440 445

Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu

450 455 460

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr His

465 470 475 480

Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro Leu

485 490 495

Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys

500 505 510

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala Lys

515 520 525

Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val Glu

530 535 540

Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

545 550 555 560

Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe Ala
565 570 575
Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
580 585 590

Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
595
<210> 572
<211> 4694
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 572
tggccagttt ccaagacagg ctcgctcgct cactcgggcc ggggccccaa aggggcccct 60
agcgaccgct tcgcggtcgc ggcccgagtg agcgagcgag cctgtcttgg aaactggcca 120
gcactccggt gaggtaatgc cgtcacgtgg tcgggaatgg gaacgggaaa tctcgcgaga 180
acgtaaacaa atataagacg gcgccacacg gcgctgcgtc atacgcgcgc gcgcaccggc 240

gagatgaggt cgtactacga ggtcatcgtt cagctgccca acgacgtcga gagtcaggta 300
cctggaatct ccgattcgtt cgtcaactgg attacgtcgc gagaatggac gttgcctgag 360
gacgccgatt gggatttgga ccaggtcgat caagttcaac tgacgctcgg cgacaaaatc 420
caacgggaga ttcgaactca ttgggggacg atggccaaag aaccggactt tcactatttt 480
atccaactgg aacaaggtga ggtgttcttt catttacacg tcctgctgga aacgtgttcc 540
gtaaagccga tggtactcgg aagatatatc cgacatattc aacaaaaaat tgtgagtaaa 600
gtctactgcg ccacgagcct acgatggaag gatggatgcg tggtgaccaa gaccaaaaat 660

ttcgggggcg cgaacaaggt ccgggccgag tcgtatattc ccgcctacct gatcccgaaa 720
cagcaaccgg aagtgcagtg ggcgtggact aacgtgcccg agtatataaa agcgtgcttg 780
caccgagaac tgcgtgccag tctcgcgcga cttcacttcg aggaggcggg cgtctcgcaa 840
tccaaggaaa atctcgcgag aactgcagac ggcgctcccg tgatgccgac ccgcgtcagc 900
aaacgctaca tggagctcgt ggattggctc gtggagaagg ggatcaccac cgagaaggaa 960
tggctgctgg aaaacagaga aagctttcgg agctttcagg cctcgagcaa ctcggcgcgt 1020
cagatcaaga cggccctgca aggcgccatt caggagatgc ttctgaccaa gacggcggag 1080

gactacctcg tcggaaagga tcccgtctcg gacgacgaca tccgtcagaa ccgcatctac 1140
aagattctgg aactgaacca ctacgaccca gcgtacgtgg ggagtatttt ggtcgggtgg 1200
tgccagaaga aatggggcaa gcgaaacacg ctgtggctgt tcggacatgc gaccaccggc 1260
aagaccaaca tcgcggaggc tattgcccat gctgtgccgt tctatggatg cgttaactgg 1320
accaacgaga actttccgtt caacgactgc gtcgaaaaaa tgattatctg gtgggaggag 1380
ggcaaaatga ccgccaaagt ggtggaaaca gccaaggcga ttctgggagg atctcgggtg 1440
agagtggacc aaaaatgcaa agcttcggtt ccgatcgaac cgacgccggt cattattacc 1500

agtaacacca acatgtgtta tgtcatcgac gggaacacga ccacgttcga gcataagcag 1560
ccgttggagg acaggatgtt taagctcgaa ttgctgactc ggttgcctga tgactttggt 1620
aaggtgacca aacaggaggt gcgtcaattc ttcaggtggt ctcaggatca cctgacccct 1680
gtgatcccag aattcctagt gcggaaggcg gagtctcgca aaagacccgc cccttccggg 1740
gaaggctata taagcccgac aaagcggccc gcgctcgcag agcagcagca ggcgtcggag 1800
agcgcggacc cggttcccac caggtatcgt atcaaatgct cgaaacattg cggtatggat 1860
aaaatgttgt ttccttgcca aatttgtgaa tcgatgaaca gagatattaa tatttgtgct 1920

attcataaaa cgaccgactg taaagagtgt ttccccgact acggggataa agatgatgta 1980
gaactacccc cctgtacaga acacaacgtg tctcgttgtt atcaatgtca ttcgggcgaa 2040
ttgtatcgcg tgacttcgga ctctgacgag aaacctgccc ccgagagtga tgaaggcacc 2100
gagccatcct atgctccctg cacgattcac cacctgatgg gcaagagtca cgggttagtc 2160
acttgcgcgg cgtgtcggtt gaaaaatagt acgttgcatg atgacttgga tgacggtgat 2220
ctcgaacaat aaatgattga aatgtagcca tgtctctcat ttctgatgcg attccagatt 2280
ggttggagcg gttggtcaaa aagggagtga atgctgcagc tgatttctac catttggaaa 2340

gcggtcctcc tcgtcctaag gcaaatcagc aaactcaaga atctcttgaa aaggacgatt 2400
cgagaggtct cgtgttccca ggctacaatt atctaggccc tttcaacggt ctagataaag 2460
gagaacccgt caacgaggca gacgctgccg ccttagaaca cgacaaggct tacgacctcg 2520
aaatcaagga cgggcacaac ccgtactttg agtacaacga ggccgacaga cgtttccagg 2580
aacgtctcaa agacgatacc tcctttggag gcaatttagg taaagccatc ttccaggcca 2640
aaaagagggt tctcgaaccc tttggtctgg tggaagactc aaagacggct ccgaccggag 2700
acaagcggaa aggcgaagac gaacctcgtt tgcccgacac ttcttcacag actcccaaga 2760

aaaacaagaa gcctcgcaag gaaagacctt ccggcggggc agaagatccg ggcgaaggca 2820
cctcttccaa cgctggagca gcagcacccg cctctagtgt gggatcatct atcatggctg 2880
aaggaggtgg cggcccagtg ggcgatgcag gccagggtgc cgatggagtg ggcaattcct 2940

ccggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tggaaaacgg agtcgtcact cgaaccaccc 3000

gaacctgggt cttgcccagc tacaacaacc acctgtacaa acgaatccaa ggacccagcg 3060

gaggcgacaa caacaacaaa ttctttggat tcagcacccc ctggggatac tttgactaca 3120

atcgattcca ctgccacttt tccccgcgag actggcaacg actcatcaac aacaactggg 3180

gcatccgtcc caaagcgatg cgctttagac tctttaacat ccaggttaaa gaggtcacgg 3240

tccaagactt caacaccacc atcggcaaca acctcaccag tacggtccag gtctttgcgg 3300

acaaggacta ccaactgccg tacgtcctcg gatcggctac cgaaggcacc ttcccgccgt 3360

tcccagcgga tatctacacg atcccgcagt acgggtactg cacgctaaac tacaacaacg 3420

aggcggtgga tcgttcggcc ttctactgtc tggactactt tccctcagac atgctgcgga 3480

caggaaataa ctttgagttt acttacacct tcgaggacgt tcctttccat agcatgtttg 3540

cccacaacca gacgctagac cggctgatga atcccctcgt ggatcagtac ctctgggctt 3600

tcagctccgt cagccaagca ggctcatctg gacgagctct tcattactcg cgggcgacta 3660

aaaccaacat ggcggctcaa tataggaact ggttacctgg gcctttcttc cgtgatcagc 3720

aaatctttac gggcgctagc aacatcacta aaaataacgt ctttagcgtt tgggaaaaag 3780

gcaagcaatg ggaactcgac aatcggacca acctaatgca gcccggtcct gcggcagcga 3840

ccacctttag cggagaacct gaccgtcaag ccatgcaaaa cacgctggct tttagcagga 3900

ccgtctacga tcaaacgacc gccacgaccg atcgtaacca gatactcatc accaacgaag 3960

acgaaatcag acccaccaac tcggtcggta tcgacgcgtg gggagcagtt cccaccaaca 4020

accagtcgat cgtgaccccc ggcactcgcg cggccgtcaa caatcaaggg gcgcttcccg 4080

ggatggtgtg gcaaaacaga gacatttacc ctacagggac ccatttggcc aaaattcccg 4140

acactgacaa tcacttccat ccgtccccgc ttattgggcg gtttggctgc aagcatcccc 4200

ctccccagat tttcattaaa aacacacccg tccctgccaa cccttcggaa acgttccaga 4260

cggccaaagt ggcctccttc atcaaccagt actcgaccgg acagtgcacc gtcgaaatct 4320

tttgggaact caagaaggaa acctccaagc gctggaaccc cgaaatccag ttcacctcca 4380

actttggcaa cgcggccgac atccagtttg ccgtctccga cacgggatcc tattccgaac 4440

ctcgtcccat cggtacccgt taccttacca aacctctgta aattaaaccc ttcaataaac 4500

cgtttatgcg taactgtatt tccgtctcct gtcgttattc agtcacatga tgcggcatta 4560

cctcaccgga gtgctggcca gtttccaaga caggctcgct cgctcactcg ggccggggcc 4620

ccaaaggggc ccctagcgac cgcttcgcgg tcgcggcccg agtgagcgag cgagcctgtc 4680

ttggaaactg gcca 4694

<210> 573

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 573

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

cagcagcggc ttcagggcga cacatcgttt gggggcaacc tcggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctcttggt ctggttgagc aagcgggtga gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccgttgat tgaatccccc cagcagcccg actcctccac gggtatcggc 480

aaaaaaggca agcagccggc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 574

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 574

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 575
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 575
atggcttccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcatccgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca gagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200
tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgtcccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 576

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 576

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Arg Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 577

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 577

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

cagcagcggc ttcagggcga cacatcgttt gggggcaacc tcggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctcttggt ctggttgagc aagcgggtga gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccgttgat tgaatccccc cagcagcccg actcctccac gggtatcggc 480

aaaaaaggca agcagccggc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ctgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgccatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 578

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 578

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Thr Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 579
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 579

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcaatcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgat 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca taaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac attgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtccccagta a 2211

<210> 580

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 580

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Ile Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Gln

725 730 735

<210> 581

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 581

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gtgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 582

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 582

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Cys Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 583

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 583

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gaatggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag tcaaccagca aaagcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ctgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgccatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 584

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 584

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Val Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Thr Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 585
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<220><221> modified_base
<222> (955)..(955)

<223> a, c, t or g
<220><221> modified_base
<222> (971)..(972)
<223> a, c, t or g
<220><221> modified_base
<222> (981)..(981)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (986)..(986)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1235)..(1235)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1694)..(1696)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1698)..(1698)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1763)..(1765)

<223> a, c, t or g

<

220><221> modified_base

<222> (1778)..(1778)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (2204)..(2204)

<223> a, c, t or g

<400> 585

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gaatggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag tcaaccagca aaagcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaataaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacntccaa 960

gtcaaggagg nnacgacgaa ngatgncgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt acctncagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag agannncnaa gccactaacc ccgtggccac tgaaagattt gggactgtgg 1740

cagtcaatct ccaagcagca cannnaccct gcgaccgnag atgtgcatgc catgggagcc 1800

ttacctggaa tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980

ttttcggcta caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg 2040

gagattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat 2100

acatctaact atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat 2160

actgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc cccngtaa 2208

<210> 586

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 586

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Val Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Thr Thr Asp Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln Asn Gln Ser
435 440 445
Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser Arg Gly Ser Pro Thr

450 455 460
Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Glu Ser Ile

500 505 510

Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Glu Asp Lys

515 520 525

Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly Lys Glu Ser Ala Gly

530 535 540

Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile Thr Asp Glu Glu Ala

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Pro Ala Thr Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly

580 585 590

Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

595 600 605

Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln

675 680 685

Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp

690 695 700

Asn Asn Gly Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro

<210> 587

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 587

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggtc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacgct ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 588

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 588

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Ala Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 589
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 589
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcaaac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcgggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac gaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

acagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 590

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 590

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asn Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Arg Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 591

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 591

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaata actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgat 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acggacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcactcaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 592

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 592

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 593
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 593

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asn Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Gln

725 730 735

<210> 594

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 594

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggaacgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cggaaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atcagtaa 2208

<210> 595

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 595

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg atccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtatgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 596

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 596

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 597

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 597

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atgactgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcaactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 598

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 598

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360
tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780
gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380
ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggggcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacgggcgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tggaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 599

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 599

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggactcg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattgac aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080
ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380
ctcggactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040
aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 600

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 600

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcctccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
atccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040
aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccag gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580
cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 601
<211> 2601
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 601
ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60
tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120
cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240
cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660
tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080
ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380
ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acctagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaagaaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaacac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580
cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 602
<211> 2601
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 602

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60
tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180
tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240
cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360
tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660
tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080
ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040
aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacgg gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 603

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 603

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agtagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

atttcggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 604

<211> 2580

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 604

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240
cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360
tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660
tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780
gcagtctcct cgggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080
ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380
ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggaact 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

<210> 605

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 605

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtctttcag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcatgtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 606

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 606

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cgatcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacgtacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 607

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 607

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgccacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780
gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgctg ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacatga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380
ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca atgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcctggc ctagagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040
aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc atggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 608

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 608

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 609

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 609

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagcg 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 610

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 610

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660
tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080
ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcgcgga 1380
ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 611

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 611

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa attgcttggc ctagagcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040
aactactaac ccagtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattgcaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580
cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 612
<211> 2601
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 612

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgtctgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgat aagggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 613

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 613

Met Thr Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Gln Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 614

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 614

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Gly Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Gly Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 615

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 615

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Asp
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 616

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 616

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Leu Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Ser Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 617

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 617

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Lys Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 618

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 618

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Arg Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 619

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 619

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Val Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 620

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 620

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Arg Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 621

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 621

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Cys Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 622

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 622

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Ile Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Tyr Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 623
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 623
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro His Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Asn

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Met Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 624

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 624

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 625
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 625

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Arg Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 626

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 626

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 627
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 627
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Ile Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Cys Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 628

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 628

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 629

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 629

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttcg gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctgggaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 630

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 630

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccgcttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacgcccctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 631

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 631

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcagcgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccgcgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 632

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 632

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac acggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 633
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 633

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcggctca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtagcaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggcagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

cacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 634

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 634

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaggct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aagccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctccccagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 635

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 635

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgcccgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tggaggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggcct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

cttaatgatg gaagccaggc cgtgggtcgt tcgtcctttt actgcctgga atatttcccg 1200

tcgcaaatgc taagaacggg taacaacttc cagttcagct acgagtttga gaacgtacct 1260

ttccatagca gctacgctca cagccaaagc ctggaccgac taatgaatcc actcatcgac 1320

caatacttgt actatctctc aaagactatt aacggttctg gacagaatca acaaacgcta 1380

aaattcagtg tggccggacc cagcaacatg gctgtccagg gaagaaacta catacctgga 1440

cccagctacc gacaacaacg tgtctcaacc actgtgactc aaaacaacaa cagcgaattt 1500

gcttggcctg gagcttcttc ttgggctctc aatggacgta atagcttgat gaatcctgga 1560

cctgctatgg ccagccacaa agaaggagag gaccgtttct ttcctttgtc tggatcttta 1620

atttttggca aacaaggaac tggaagagac aacgtggatg cggacaaagt catgataacc 1680

aacgaagaag aaattaaaac tactaacccg gtagcaacgg agtcctatgg acaagtggcc 1740

acaaaccacc agagtgccca agcacaggcg cagaccggct gggttcaaaa ccaaggaata 1800

cttccgggta tggtttggca ggacagagat gtgtacctgc aaggacccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcaccct tctccgctga tgggagggtt tggaatgaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acacctgtac ctgcggatcc tccaacggcc 1980

ttcaacaagg acgagctgaa ctctttcatc acccagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaacccgga gatccagtac 2100

acttccaact attacaagtc taataatgtt gaatttgctg ttaatactga aggtgtatat 2160

agtgaacccc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 636

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 636

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gacaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

cttaatgatg gaagccaggc cgtgggtcgt tcgtcctttt actgcctgga atatttcccg 1200

tcgcaaatgc taagaacggg taacaacttc caattcagct acgagtttga gaacgtacct 1260

ttccatagca gctacgctca cagccaaagc ctggaccgac taatgaatcc actcatcgac 1320

caatacttgt actatctctc aaagactatt aacggttctg gacagaatca acaaacgcta 1380

aaattcagtg tggccggacc cagcaacatg gctgtccagg gaagaaacta catacctgga 1440

cccagctacc gacaacaacg tgtctcaacc actgtgactc aaaacaacaa cagcgaattt 1500

gcttggcctg gagcttcttc ttgggctctc aatggacgta atagcttgat gaatcctgga 1560

cctgctatgg ccagccacaa agaaggagag gaccgtttct ttcctttgtc tggatcttta 1620

atttttggca aacaaggaac tggaagagac aacgtggatg cggacaaagt catgataacc 1680

aacgaagaag aaattaaaac tactaacccg gtagcaacgg agtcctatgg acaagtggcc 1740

acaaaccacc agagtgccca agcacaggcg cagaccggct gggttcaaaa ccaaggaata 1800

cttccgggta tggtttggca ggacagagat gtgtacctgc aaggacccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcaccct tctccgctga tgggagggtt tggaatgaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acacctgtac ctgcggatcc tccaacggcc 1980

ttcaacaagg acaagctgaa ctctttcatc acccagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaacccgga gatccagtac 2100

acttccaact attacaagtc taataatgtt gaatttgctg ttaatactga aggtgtatat 2160

agtgaacccc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 637

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 637

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagccatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgaca 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 638

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 638

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaatgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

accaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg gctcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 639

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 639

atggctgccg atggttattt tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa tctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatctc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgctg tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 640

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 640

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ccggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagcg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 641

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 641

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ccggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcggcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 642

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 642

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacctgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 643

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 643

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caagaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 644

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (1325)..(1325)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 644

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaccagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccnatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg atatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 645

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 645

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcta caaagaagga gaggacagtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagac cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 646
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 646

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttcg gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctgggaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 647
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 647
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaggg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agccgacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactgt cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaacgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccca tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 648

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 648

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taagaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccacccatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatggtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 649

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 649

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ccggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 650

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 650

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc aattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccggcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaag aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 651

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 651

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac agataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggtaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtatcggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagaccg tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtggac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 652

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 652

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 653

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 653

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acgtcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggagg caacccgtgc ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
agatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaaggcca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attgacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatggatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacgggcgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 654

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 654

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gcctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 655
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 655

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacaacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcctcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgagatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctacta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 656

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 656

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg tgcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcacga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tgggccccga tacctgactc gtaatttt 2208

<210> 657

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 657

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacaacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgagatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 658

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 658

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcgagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagtcca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgcctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaaggg gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 659

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 659

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag cccccccagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcggaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attagcggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa cagcagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atactttcgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 660

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 660

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 661

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 661

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 662
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 662
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcgacta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcagggcaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 663

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 663

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 664

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 664

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccgggga caacccgcac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcccgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taagaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacactgag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaggct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 665

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 665

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcggaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagttt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 666

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 666

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acttacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcaccaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatatc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 667

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 667

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttta gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttctg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcgaacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttgaaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 668

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 668

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatag cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcgaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct tttcaacatt 960

cgggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcaccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgcttgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcgaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 669
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 669

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggcg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
ccagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcgggc gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgcga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 670

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 670

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgggttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag tccctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg agctggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 671

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (377)..(377)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 671

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagaggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcntga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcggggaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcccggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 672

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 672

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 673

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 673

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccag agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct ggactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggtgatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 674
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 674

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtggggcct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgtcgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtt acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ccacaaagct tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 675

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 675

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagagac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcgttc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 676

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 676

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ccgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgggg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tcccatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 677

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 677

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacgacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgcgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggcc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acggacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 678

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 678

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cggctcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tcccatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg ggagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgacttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 679

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 679

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccgcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgctg tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 680

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 680

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcaactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcac cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccgac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 681

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 681

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caagagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccgcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cctccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ccacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgacgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 682

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 682

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca agagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctacggga 1800
acattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa accacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacga caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 683
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 683
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcta caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacga caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 684

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 684

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagctccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagcgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcgaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccgt tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 685

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 685

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccatac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaaa tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cactttccac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgtcgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggtccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 686

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 686

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc acgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgggc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 687

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 687

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg ccccaggaaa ttggcattgc gactccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcacagcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acaggcgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 688

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 688

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cagactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaggaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcgcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcggccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatatagc ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gggcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgccatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 689

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 689

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaactct accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
acattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 690
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 690
atggctgccg atggttatct cccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcagcgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaagagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 691

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 691

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag gggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 692

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 692

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg tttatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcccgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag caacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 693

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 693

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cgacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 694

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 694

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcagggc 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccaaca ctcgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gttacgggca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatct tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtttgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 695

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 695

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccaaca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaatg 1140
ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgcggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 696

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 696

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacgggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtccgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 697

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (305)..(305)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 697

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggngcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcgg cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggccacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgtcccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaaca 1140
ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag caacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 698

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 698

atggctgccg atggttattt tccagattgg ctcgaggaca acctttctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aggacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcga cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcccagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatagtgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 699

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 699

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaacc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagactacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 700

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 700

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagtcccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 701

<211> 2196

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 701

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagcct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

ccatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctt 2196

<210> 702

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 702

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactctcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980
gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 703
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 703

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

ctatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggaact tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 704

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 704

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca gcctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacgatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
cccaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caataccagt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 705

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 705

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga accttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacgggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtccgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 706

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 706

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc gggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 707

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 707

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Asp Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Val Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Gly Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Pro

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 708

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 708

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Arg Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Ile Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 709
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 709
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Ser Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Ser Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asp Val Asp Ala Asp Lys Val Ile Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 710
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 710
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Gly Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Gly Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Val

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gly Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Ser Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 711
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 711

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Val

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser His Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly His Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Gly Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 712

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 712

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Pro Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 713
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 713
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 714
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 714
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 715

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 715

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Leu Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Lys Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 716

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 716

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 717

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 717

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Gly Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 718

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 718

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys Arg Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Ala Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 719

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 719

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 720
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 720
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Thr Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 721

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 721

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Ser Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln His Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 722

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 722

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Arg Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 723

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 723

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe

405 410 415

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu

515 520 525

Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr

580 585 590

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Glu Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 724
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 724
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Asp Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe

405 410 415

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu

515 520 525

Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr

580 585 590

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 725

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 725

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Ala Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Thr

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 726
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 726
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Thr Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Gly Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 727
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 727

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Phe Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Ser Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Leu

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 728

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 728

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Ala Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 729
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 729
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Arg Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 730
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 730
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Leu Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 731

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 731

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 732

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (442)..(442)

<223> Any amino acid

<400> 732

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Thr Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Xaa Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Asp Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 733

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 733

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 734
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 734
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Gly Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 735

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 735

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Arg Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Cys Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

His Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 736

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 736

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Gly Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 737

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 737

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 738

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 738

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asn Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Gly Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 739

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 739

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Val Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Gly Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 740

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 740

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 741

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 741

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Gly Asn Pro Cys Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Arg Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ala Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asp Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asp Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Gly Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 742

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 742

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Pro Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 743

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 743

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asn Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Pro Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Arg Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Thr Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 744

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 744

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Val His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Pro Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Phe

725 730 735

<210> 745

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 745

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asn Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Arg Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 746

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 746

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Glu Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Ser Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Ala Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 747

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 747

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Pro Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Ser Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Ser Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 748

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 748

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 749

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 749

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 750

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 750

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Asp Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 751

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 751

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 752

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 752

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro His Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Arg Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 753

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 753

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 754

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 754

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Thr Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Ile
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 755

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 755

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Ser Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asn Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Glu Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 756

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 756

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Ile Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Arg Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Arg Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Thr Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Arg Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 757

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 757

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Gly Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Ala Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 758

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 758

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Gly Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Val Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 759

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (126)..(126)

<223> Any amino acid

<400> 759

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Arg Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Xaa Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Pro
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 760

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 760

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 761

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 761

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asp Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Val Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 762
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 762
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Val Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 763
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 763
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Arg Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 764
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 764

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 765

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 765

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Pro Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 766
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 766
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Gly Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 767
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 767
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 768

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 768

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Gln Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Thr Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asp Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 769

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 769

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Pro Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly His Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 770

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 770

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Glu Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Thr Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Thr Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asp Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 771

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 771

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Leu Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asp Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 772

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 772

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Ala Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Val Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 773
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 773
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asn Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Pro Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Ser Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 774

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 774

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Thr Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Gly Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 775

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 775

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Pro Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Gly Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 776

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 776

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Arg Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Arg Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Gly Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Ser Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Gly Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Ala Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 777
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 777
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Gly Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Ser Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 778
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 778
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Glu Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 779
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 779
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Gly Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 780
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 780

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asn Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 781

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 781

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asp Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 782
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 782
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Gly Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Asn Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Gly His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Leu Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Phe Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 783
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 783
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Asn Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Met Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 784

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 784

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 785

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (102)..(102)

<223> Any amino acid

<400> 785

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Xaa Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Gly Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly His Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Ser Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asn Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 786

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 786

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Phe Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Arg Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Pro Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 787
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 787
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Thr Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Tyr
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 788

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 788

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Val Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 789

<211> 732

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 789

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Pro Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

725 730

<210> 790

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 790

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Ser His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 791

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 791

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Thr Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 792

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 792

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Ser Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Pro Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Gln Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 793

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 793

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 794

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 794

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Arg
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 795

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 795

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080
tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcccggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500
tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920
aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcaccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 796

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 796

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actgttgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcaactc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 797

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 797

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccggccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acggcaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagtg tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160
tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 798

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base
<222> (1283)..(1283)
<223> a, c, t, g, unknown or other
<400> 798
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60
gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120
aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gaccgggtaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtc 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080
tgtctcccgc cgtttccagc ggacgccttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacggcagct acgctcacag ccngagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagacttttc aaagactgct aacgacaaca acaacagtaa 1500

ctttccttgg acagcggcca gcaaatatca tctcaatggc cgcgactcgc tggtgaatcc 1560

aggaccagct atggccagtc acaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaactcgt aa 2212

<210> 799

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 799

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcttgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccggccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatccc 1560

aggaccagct atggccagtc acaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaacttgt aa 2212

<210> 800

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 800

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtgc ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tagcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tggatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaacctgt aa 2212

<210> 801

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 801

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcaa cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 802

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 802

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagtgcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 803

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 803

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaagg ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgt tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagttcg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgaa cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 804

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 804

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

gaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 805

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 805

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggt 840

attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatta 900

acaacaactg gggattccgg cccaagaaac tcagcttcaa gctcttcaac atccaagtta 960

aagaggtcac gcagaacgat ggcacgacga ctattgccaa taaccttacc agcacggttc 1020

aagtgtttac ggactcggag tatcagctcc cgtacgtgct cgggtcggcg caccaaggct 1080

gtctcccgcc gtttccagcg gacgccttca tggtccctca gtatggatac ctcaccctga 1140

acaacggaag tcaagcggtg ggacgctcat ccttttactg cctggagtac ttcccttcgc 1200

agatgctaag gactggaaat aacttccaat tcagctatac cctcgaggat gtacctttc 1260

acagcagcta cgctcacagc cagagtttgg atcgcttgat gaatcctctt attgatcagt 1320

atctgtacta cctgaacaga acgcaaggaa caacctctgg aacaaccaac caatcacggc 1380

tgctttttag ccaggctggg cctcagtcta tgtctttgca ggccagaaat tggctacctg 1440

ggccctgcta ccggcaacag agactttcaa agactgctaa cgacaacaac aacagtaact 1500

ttccttggac agcggccagc aaatatcatc tcaatggccg cgactcgctg gtgaatccag 1560

gaccagctat ggccagtcac aaaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagatag tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920
aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160
tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 806
<211> 2205
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 806

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaggg cgttcgagag 60
tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180
ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240
cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300
cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360
aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420
aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480
aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600
actggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660
gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720
tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acctttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgctacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 807

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 807

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttcttac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcgt gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcgacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 808

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 808

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacgag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgctacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 809

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 809

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360
aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420
aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480
aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acggaactgg agcaggcgac 540
ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600
gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720
tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780
aacacctaca acggattccc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840
cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900
gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960
acaacggcgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020
ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140
actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200
aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260
agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320
tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380
cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440
cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560
cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620
gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680
gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740
ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800
cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860
cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980
agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040
attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100
tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 810

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 810

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctaccgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 811

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 811

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttca gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc ccttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ccggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaata actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgcccg gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 812

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 812

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaggctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cggaggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 813

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 813

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atcctccggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgcta gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 814
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 814
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgaca ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagagc 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 815

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 815

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ctgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg tccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgccgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtgca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctattggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 816

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 816

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacaccga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggcg cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 817

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 817

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacggggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagcgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 818

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 818

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttactagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagggggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaag cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 819

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 819

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg tccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

gagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctattggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 820

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 820

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacagcgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accgccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 821

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 821

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ctgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatgacc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtaccccc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacagg accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 822

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 822

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcctctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat gaagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 823

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 823

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaggcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca ccccgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 824

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 824

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

cacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gtcgaacggc atgaccaaca acctccgggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 825

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 825

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca gcgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

acgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cagactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 826

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 826

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc gcgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggcg gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatac caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 827

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 827

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggtagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcggca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggggcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccctcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 828

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 828

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgagccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatgcaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 829

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 829

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatcct caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtgggccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac gagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggc caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 830

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 830

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg cctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accatcatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgcccccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 831
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 831

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcctc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 832

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 832

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg ccaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcgggcgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

ggctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataata ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 833

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 833

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccgcc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 834

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 834

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gccgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 835

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 835

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 836

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 836

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgccgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt cgccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 837

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 837

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 838

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 838

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gctgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag ccaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aaccttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggtgcaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccggagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 839

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 839

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aggcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgggactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa gggaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 840

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 840

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac gtccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggtgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 841

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (1652)..(1652)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 841

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga ggaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcagcat gctcatcacc ancgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 842

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 842

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 843

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 843

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320
tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380
cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440
cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500
ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560
cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620
gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740
ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800
cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860
cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920
ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980
agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040
attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160
gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 844
<211> 2234
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 844

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaaccgtgta ttcgtgtcag 2220

taaaatactg cctc 2234

<210> 845

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 845

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 846
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 846
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 847
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 847
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Gly Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Gly Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Cys Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 848
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 848
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Ala Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Gly Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Ser
725 730 735

<210> 849
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 849

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Leu Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Gly Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 850

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 850

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Cys Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Ser
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asp Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 851
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 851
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asn Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 852
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 852
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Val Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 853
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 853
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Gly Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Phe Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Ser Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr Thr
580 585 590
Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 854
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 854

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Glu Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 855

<211> 668

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 855

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Ile Leu Thr Leu Thr Asp Ser Thr
275 280 285
Ala Thr Ser His His Val Thr Gly Ser Asp Ser Leu Thr Thr Thr Gly
290 295 300
Asp Ser Gly Pro Arg Asn Ser Ala Ser Ser Ser Ser Thr Ser Lys Leu
305 310 315 320
Lys Arg Ser Arg Arg Thr Met Ala Arg Arg Leu Leu Pro Ile Thr Leu
325 330 335

Pro Ala Arg Phe Lys Cys Leu Arg Thr Arg Ser Ile Ser Ser Arg Thr
340 345 350
Cys Ser Gly Arg Arg Thr Lys Ala Val Ser Arg Arg Phe Gln Arg Thr
355 360 365
Pro Ser Trp Ser Leu Ser Met Asp Thr Ser Pro Thr Thr Glu Val Lys
370 375 380
Arg Trp Asp Ala His Pro Phe Thr Ala Trp Ser Thr Ser Leu Arg Arg
385 390 395 400

Cys Gly Leu Glu Ile Thr Ser Asn Ser Ala Ile Pro Ser Arg Met Tyr
405 410 415
Leu Phe Thr Ala Ala Thr Leu Thr Ala Arg Val Trp Ile Ala Ile Leu
420 425 430
Leu Leu Ile Ser Ile Cys Thr Thr Thr Glu Arg Lys Glu Gln Pro Leu
435 440 445

Glu Gln Pro Thr Asn His Gly Cys Phe Leu Ala Arg Leu Gly Leu Ser
450 455 460

Leu Cys Leu Cys Arg Pro Glu Ile Gly Tyr Leu Gly Pro Ala Thr Gly
465 470 475 480
Asn Arg Asp Phe Gln Arg Leu Leu Thr Thr Thr Thr Thr Val Thr Phe
485 490 495
Leu Gly Gln Arg Pro Ala Asn Ile Ile Ser Met Ala Ala Thr Arg Trp
500 505 510
Ile Gln Asp Gln Leu Trp Pro Val Thr Arg Thr Met Lys Lys Asn Phe
515 520 525

Ser Leu Cys Thr Ala Ile Arg Gly Pro Tyr Leu Ala Trp Cys Gly Lys
530 535 540
Ile Val Thr Cys Thr Phe Lys Asp Leu Ser Gly Gln Arg Phe Leu Thr
545 550 555 560
Arg Met Asp Thr Phe Ile Leu Leu Leu Trp Glu Ala Leu Asp Asn Ile
565 570 575
Arg Leu Leu Lys Ser Ser Lys Ile Leu Arg Tyr Arg Gln Ile Leu Arg
580 585 590

Arg Leu Ser Ala Arg Pro Ser Leu Leu His Leu Ser Leu Ser Thr Pro
595 600 605
Leu Asp Arg Ser Ala Trp Lys Leu Ser Gly Ser Tyr Arg Lys Lys Thr
610 615 620
Ala Asn Val Gly Ile Gln Arg Phe Ser Thr Leu Pro Thr Thr Thr Ser
625 630 635 640
Leu Leu Met Trp Thr Leu Leu Thr Leu Met Val Phe Ile Val Asn Leu
645 650 655

Ala Leu Leu Glu Pro Gly Ile Ser His Glu Thr Cys
660 665

<210> 856
<211> 734
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 856

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Thr Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Leu Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575
Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700
Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 857

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 857

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Leu Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Val Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asp Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575
Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 858

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 858

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Glu Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 859

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 859

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Gly Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Pro Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Ala Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 860

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 860

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Arg Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 861

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 861

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Gln Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Arg Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Arg Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575
Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700
Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720
Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 862

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 862

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Glu Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 863

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 863

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Ser Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 864

<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 864
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Ser

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 865

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 865

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Pro Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Val Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Pro Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Cys Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 866
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 866
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Ala Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 867

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 867

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Gly Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 868

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 868

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn
500 505 510
Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe
515 520 525
Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly

530 535 540
Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val
545 550 555 560
Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr
565 570 575
Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly
580 585 590
Ser Val Trp Met Glu Gly Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

595 600 605
Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly
610 615 620
Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640
Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser
645 650 655
Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp

660 665 670
Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser

690 695 700

Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 869

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 869

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Val Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Glu Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 870
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 870
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Ser Glu

65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Ala Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 871

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 871

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Pro Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Thr Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Pro Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 872
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 872
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Leu Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Lys Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 873

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 873

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Pro Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 874

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 874

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr His Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Ser Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Arg Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 875

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 875

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Ser Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Thr Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Arg Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 876

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 876

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Ala Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Gly Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Thr Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 877
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 877
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Val Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Gly Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Gly Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Leu Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 878
<211> 723
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 878
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Ala

595 600 605

Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser

645 650 655

Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp

660 665 670

Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser

690 695 700

Thr Gly Glu Cys Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 879

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 879

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Leu Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Gly
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Glu Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Ala Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 880

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 880

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Ile Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 881
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 881
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Leu Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 882

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 882

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Ala

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Gly

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Gly Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 883
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 883
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Ala

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 884

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 884

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Pro Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 885
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 885

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 886

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 886

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Pro Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 887

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 887

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 888
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 888
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Ala Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Ala

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Leu Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Val His Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 889

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 889

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Gly Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Gly Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 890
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 890
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Val His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 891

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (551)..(551)

<223> Any amino acid

<400> 891

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Ser Met Leu Ile Thr Xaa Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 892

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 892

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 893
<211> 734
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 893
Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15
Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser

180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly

195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu

245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn

370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720
Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 894
<211> 723
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 894
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp

195 200 205

Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met

210 215 220

Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser

225 230 235 240

Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp Gly

245 250 255

Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe

260 265 270

Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg

275 280 285

Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val Lys

290 295 300

Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr Thr

305 310 315 320

Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp

325 330 335

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu
340 345 350
Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala
355 360 365
Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe
370 375 380
Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn
385 390 395 400

Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Phe
405 410 415
Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln
420 425 430
Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln Phe
435 440 445
Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe
450 455 460

Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly Val
465 470 475 480
Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu Leu
485 490 495
Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn
500 505 510
Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe
515 520 525

Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly
530 535 540
Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val
545 550 555 560
Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr
565 570 575
Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly

580 585 590

Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala
595 600 605
Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly
610 615 620
Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640
Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser
645 650 655

Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp
660 665 670
Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr
675 680 685
Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser
690 695 700
Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 895
<211> 743
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 895
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Thr Leu Ala Val

580 585 590

Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 896

<211> 2232

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 896

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctctagaact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg taccggcaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaaactttg gcggtgcctt ttaaggcaca ggcgcagacc 1800

ggttgggttc aaaaccaagg aatacttccg ggtatggttt ggcaggacag agatgtgtac 1860

ctgcaaggac ccatttgggc caaaattcct cacacggacg gcaactttca cccttctccg 1920

ctgatgggag ggtttggaat gaagcacccg cctcctcaga tcctcatcaa aaacacacct 1980

gtacctgcgg atcctccaac ggccttcaac aaggacaagc tgaactcttt catcacccag 2040

tattctactg gccaagtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga aaacagcaag 2100

cgctggaacc cggagatcca gtacacttcc aactattaca agtctaataa tgttgaattt 2160

gctgttaata ctgaaggtgt atatagtgaa ccccgcccca ttggcaccag atacctgact 2220

cgtaatctgt aa 2232

<210> 897

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 897

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Ile Gln Ser Ser Gln Thr Pro Arg Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 898

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 898

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Thr Arg Thr Asn

580 585 590

Pro Glu Ala Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 899

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 899

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Asn Gly Gly Thr

580 585 590

Ser Ser Ser Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 900

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 900

Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 901

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 901

Lys Phe Pro Val Ala Leu Thr

1 5

<210> 902

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 902

Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 903

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 903

Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 904

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 904

Val Pro Phe Lys

1

<210> 905

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 905

Thr Leu Ala Val Pro Phe

1 5

<210> 906

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 906

Thr Leu Ala Val Pro

1 5

<210> 907

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 907

Thr Leu Ala Val

1

<210> 908

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 908

Ser Val Ser Lys Pro Phe Leu

1 5

<210> 909

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 909

Phe Thr Leu Thr Thr Pro Lys

1 5

<210> 910

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 910

Met Asn Ala Thr Lys Asn Val

1 5

<210> 911

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 911

Gln Ser Ser Gln Thr Pro Arg

1 5

<210> 912

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 912

Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser

1 5

<210> 913

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 913

Thr Arg Thr Asn Pro Glu Ala

1 5

<210> 914

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 914

Asn Gly Gly Thr Ser Ser Ser

1 5

<210> 915

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 915

Tyr Thr Leu Ser Gln Gly Trp

1 5

<210> 916

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 916

aagtttcctg tggcgttgac t 21

<210> 917

<211> 21

<212> DNA

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 917

actttggcgg tgccttttaa g 21

<210> 918

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 918

agtgtgagta agccttttt g 21

<210> 919

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 919

tttacgttga cgacgcctaa g 21

<210> 920

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 920

atgaatgcta cgaagaatgt g 21

<210> 921

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 921

cagtcgtcgc agacgcctag g 21

<210> 922

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 922

attctgggga ctggtacttc g 21

<210> 923

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 923

acgcggacta atcctgaggc t 21

<210> 924

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 924

aatgggggga ctagtagttc t 21

<210> 925

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 925

tatactttgt cgcagggttg g 21

<210> 926

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 926

Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr

1 5

<210> 927

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 927

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

1 5

<210> 928

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 928

Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu

1 5

<210> 929

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 929

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu

1 5

<210> 930

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 930

Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

1 5

<210> 931

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 931

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe

1 5

<210> 932

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 932

Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe

1 5

<210> 933

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 933

Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

1 5

<210> 934

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 934

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

1 5 10 15

<210> 935

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 935

Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met

1 5 10 15

<210> 936

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 936

Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg

1 5 10 15

<210> 937

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 937

Gly Ala Ser Asp Ile Arg Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

1 5 10

<210> 938

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 938

Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val

1 5 10 15

<210> 939

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 939

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

1 5

<210> 940

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 940

Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe

1 5

<210> 941

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 941

Gln Ala Val Arg Thr Ser Leu

1 5

<210> 942

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 942

Leu Ala Lys Glu Arg Leu Ser

1 5

<210> 943

<211> 106

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (1)..(13)

<223> a, c, u, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (16)..(48)

<223> a, c, u, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (53)..(60)

<223> a, c, u, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (62)..(97)

<223> a, c, u, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (99)..(100)

<223> a, c, u, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (102)..(106)

<223> a, c, u, g, unknown or other

<400> 943

nnnnnnnnnn nnnugnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnug ugnnnnnnnn 60

unnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnncnn cnnnnn 106