(19)日本国特許庁(JP)　(12)公表特許公報(A)　(11)公表番号
特表2024-533311
(P2024-533311A)
(43)公表日　令和6年9月12日(2024.9.12)

| (51)国際特許分類 | | | FI | | | テーマコード（参考） |
|---|---|---|---|---|---|---|
| *C07K* | *19/00* | *(2006.01)* | C07K | 19/00 | ZNA | 4B065 |
| *C12N* | *9/12* | *(2006.01)* | C12N | 9/12 | | 4C076 |
| *C12N* | *9/16* | *(2006.01)* | C12N | 9/16 | Z | 4C084 |
| *C12N* | *5/10* | *(2006.01)* | C12N | 5/10 | | 4H045 |
| *C12N* | *15/62* | *(2006.01)* | C12N | 15/62 | Z | |

審査請求　未請求　予備審査請求　未請求　（全1585頁）　最終頁に続く

(21)出願番号　特願2024-515067(P2024-515067)
(86)(22)出願日　令和4年9月7日(2022.9.7)
(85)翻訳文提出日　令和6年5月2日(2024.5.2)
(86)国際出願番号　PCT/US2022/076045
(87)国際公開番号　WO2023/039424
(87)国際公開日　令和5年3月16日(2023.3.16)
(31)優先権主張番号　63/241,953
(32)優先日　令和3年9月8日(2021.9.8)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号　63/373,444
(32)優先日　令和4年8月24日(2022.8.24)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(81)指定国・地域　AP(BW,GH,GM,KE,LR,LS,MW,MZ,NA
最終頁に続く

(71)出願人　520445473
フラッグシップ パイオニアリング イノベーションズ シックス，エルエルシー
アメリカ合衆国マサチューセッツ州０２１４２，ケンブリッジ，ケンブリッジ・パークウェイ ５５，エイス・フロア
(74)代理人　100078282
弁理士　山本 秀策
(74)代理人　100113413
弁理士　森下 夏樹
(74)代理人　100181674
弁理士　飯田 貴敏
(74)代理人　100181641
弁理士　石川 大輔
(74)代理人　230113332
最終頁に続く

(54)【発明の名称】　ゲノムを調節するための方法及び組成物

(57)【要約】
本開示は、例えば、細胞、組織又は対象におけるＤＮＡ配列内の１つ又は複数の位置で宿主細胞のゲノムをターゲティング、編集、修飾又は操作するための組成物、システム及び方法を提供する。

10

20

【特許請求の範囲】
【請求項１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、請求項１に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、請求項１又は２に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、請求項１～３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、請求項１～４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して１００％の同一性を有する配列を有する、請求項１～５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、請求項１～６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項８】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、請求項１～７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項９】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、請求項１～８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１０】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して１００％の同一性を有する配列を有する、請求項１～９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１１】
前記ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、請求項１～１０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１２】
前記Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、

８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～１１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１３】
前記Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、請求項１～１２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１４】
前記Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、請求項１～１３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１５】
前記Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、請求項１～１４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１６】
ＮＬＳを含み、例えば２つのＮＬＳを含む、請求項１～１５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１７】
前記Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、請求項１～１６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１８】
前記ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、請求項１～１７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１９】
前記Ｃａｓ９ドメインの Ｎ末端である第１のＮＬＳ及び前記ＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、請求項１～１８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２０】
前記第１のＮＬＳ及び前記Ｃａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～１９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２１】
前記第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～２０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２２】
前記Ｃａｓドメインと前記リンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、請求項１～２１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２３】
前記ＲＴドメインと前記第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、請求項１～２２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２４】
前記リンカーと前記ＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、請求項１～２３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２５】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～２４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２６】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチ

ド。
【請求項２７】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２８】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９８％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２９】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３０】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して１００％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３１】
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、請求項１～３０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３２】
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、
ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；
ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳを有するリンカー；
ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び
ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列
を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又は９０％である活性を有する、請求項１～３１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３３】
例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、請求項１～３２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３４】
請求項１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。
【請求項３５】
請求項１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は請求項３４に記載の核酸を含む細胞。
【請求項３６】
システムであって、
ｉ）請求項１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、並びに

ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【請求項３７】
細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、前記細胞を、請求項３６に記載のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより前記標的核酸を修飾することを含む方法。
【請求項３８】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、前記ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３９】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４０】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ａ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４２】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４３】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４４】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％

、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４５】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４６】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ３の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ３の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４７】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ４の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ４の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４８】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ５の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４９】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ６の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ６の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５０】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ７の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ７の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ８の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ８の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５２】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ９の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって

、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ９の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５３】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１０の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１０の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５４】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５５】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５６】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項５７】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項５８】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン（例えば、本明細書に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、図１１に列挙される配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項５９】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

配列番号１～７７４３のいずれか１つに示されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含み、

前記ＲＴドメイン及び前記リンカーの前記アミノ酸配列は、配列番号１～７７４３のいずれか１つの同じアミノ酸配列に示され、

前記遺伝子組換えポリペプチドは、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４

０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項６０】

請求項３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。

【請求項６１】

請求項３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は請求項６０に記載の核酸を含む細胞。

【請求項６２】

システムであって、

ｉ）請求項３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、並びに

ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、

ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；

ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；

ｃ）異種目的配列；及び

ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）

を含む鋳型ＲＮＡ

を含むシステム。

【請求項６３】

細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、前記細胞を、請求項６２に記載のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより前記標的核酸を修飾することを含む方法。

【請求項６４】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＡＶＩＲＥ　ＲＴの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

前記ＣａｓニッカーゼドメインとＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項６５】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６

、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４
、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５
、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８
、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８
、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４
、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５
、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３
、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１
、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９
、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７
、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５
、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３
、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１
、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９
、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７
、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６
、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５
、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５
、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２
、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２
、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００
、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

前記Ｃａｓニッカーゼドメインと前記ＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項６６】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号８００１、８００２若しくは８００３の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号：配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６

２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのいずれかのリンカーのアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項６７】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，００３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０１に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項６８】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，０２０の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０２に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項６９】

遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，０７４の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０３に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７０】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，１１３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０４に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカーを含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７２】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子。
【請求項７３】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドを含む細胞。
【請求項７４】
請求項７２に記載の核酸分子を含む細胞。
【請求項７５】
システムであって、
ｉ）請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は請求項７２に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓニッカーゼドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【請求項７６】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、請求項７２に記載の核酸又は請求項７５に記載のシステムを含む脂質ナノ粒子製剤。
【請求項７７】
細胞内の標的核酸分子を修飾する方法であって、前記細胞を、請求項７５に記載のシステムと接触させ、それにより前記標的核酸分子を修飾することを含む方法。
【請求項７８】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、又は請求項７２に記載の核酸、又は請求項７５に記載のシステムを使用して、標的プライム逆転写によって標的ゲノムを修飾する方法であって、前記標的ゲノムを、前記遺伝子組換えポリペプチ

ド、核酸又はシステムと接触させ、それにより前記標的核酸分子を修飾することを含む方法。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【０００１】

関連出願

本出願は、２０２１年９月８日に出願された米国仮特許出願第６３／２４１，９５３号及び２０２２年８月２４日に出願された同第６３／３７３，４４４号に対する優先権を主張するものであり、上記の出願の各々の内容全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【０００２】

配列表

本出願は、ＸＭＬ形式で電子的に提出され、全体が参照により本明細書に組み込まれる配列表を含む。２０２２年８月２３日に作成された前記ＸＭＬコピーは、Ｖ２０６５－７０２３ＷＯ＿ＳＬ．ｘｍｌと命名され、１５，７２７，０３５バイトのサイズである。

【背景技術】

【０００３】

ゲノムへの目的の核酸の組込みは、挿入事象を促進するための特殊なタンパク質の非存在下において低頻度で起こり、且つ部位特異性がほとんどない。ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓ９のようないくつかの存在する手法は、宿主修復経路に依存する小さい編集により適しており、長い配列の組込みには有効性が低い。Ｃｒｅ／ｌｏｘＰといった他の既存の手法は、ｌｏｘＰ部位をゲノムに挿入する第１ステップ、次いで目的の配列をｌｏｘＰ部位に挿入する第２ステップを必要とする。当技術分野では、改善された組成物（例えばタンパク質及び核酸）及びゲノム内に目的の配列を挿入、変更又は削除する方法が必要とされている。

【発明の概要】

【課題を解決するための手段】

【０００４】

本開示は、宿主細胞、組織若しくは対象における１つ若しくは複数の位置のゲノムをインビボ又はインビトロで改変するための新規の組成物、システム及び方法に関する。特に、本発明は、注目する配列を宿主ゲノム中に挿入するか、宿主ゲノム中で改変するか、又は宿主ゲノム中で欠失させる組成物、システム及び方法を特徴とする。

【０００５】

組成物又は方法の構成は、以下に列挙される実施形態の１つ又は複数を含み得る。

【０００６】

１．遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）及び

表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと（例えば、表６中のＲＴドメインについて列挙される配列と）少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０００７】

２．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、実施形態１の遺伝子組換えポリペプチド。

【０００８】

３．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０００９】

４．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１０】

５．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１１】

６．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１２】

７．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１３】

８．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１４】

９．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１５】

１０．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１６】

１１．ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１７】

１２．Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１８】

１３．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００１９】

１４．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００２０】

１５．Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００２１】

１６．ＮＬＳを含み、例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、２つのＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００２２】

１７．Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００２３】

１８．ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換え

ポリペプチド。
【００２４】
１９．Ｃａｓ９ドメインの Ｎ末端である第１のＮＬＳ及びＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２５】
２０．第１のＮＬＳ及びＣａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２６】
２１．第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２７】
２２．Ｃａｓドメインとリンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２８】
２３．ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２９】
２４．リンカーとＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３０】
２５．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３１】
２６．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３２】
２７．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３３】
２８．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９８％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３４】
２９．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３５】
３０．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して１００％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３６】
３１．ＨＥＫ細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３７】
３２．Ｕ２－ＯＳ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソ

ート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００３８】

３３．ＨＥＫ細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）及びｇ１０ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００３９】

３４．ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、

ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；

ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳを有するリンカー；

ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び

ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列、

を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又は９０％である活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００４０】

３５．例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００４１】

３６．先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。

【００４２】

３７．実施形態１～３５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド又は実施形態３６の核酸を含む細胞。

【００４３】

３８．システムであって、

ｉ）実施形態１～３５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、並びに

ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、

ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；

ｂ）遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；

ｃ）異種目的配列；及び

ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）

を含む鋳型ＲＮＡ

を含むシステム。

【００４４】

３９．細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、細胞を、実施形態３８のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより標的核酸を修飾することを含む方法。

【００４５】
４０．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００４６】
４１．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００４７】
４２．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００４８】
４３．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００４９】
４４．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５０】
４５．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５１】
４６．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５２】
４７．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５３】
４８．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５４】
４９．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５５】
５０．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５６】
５１．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５７】
５２．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５８】
５３．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配

列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５９】
５４．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６０】
５５．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６１】
５６．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６２】
５７．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６３】
５８．参照遺伝子組換えポリペプチドは、（例えば、本明細書に記載される）ＡＶＩＲＥポリペプチドであり、ここで、リンカーは、図１１に列挙されるアミノ酸配列を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６４】
５９．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００６５】
６０．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ａ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００６６】
６１．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴ

ドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００６７】

６２．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００６８】

６３．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００６９】

６４．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７０】

６５．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ２の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７１】
６６．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ３の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ３の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７２】
６７．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ４の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ４の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７３】
６８．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ５の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７４】
６９．Ａ遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ６の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ６の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７５】

７０．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ７の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ７の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７６】

７１．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ８の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ８の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７７】

７２．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ９の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ９の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７８】

７３．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１０の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１０の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７９】

７４．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメ

イン）；
表Ｄ１１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８０】

７５．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１２の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８１】

７６．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８２】

７７．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ２の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８３】

７８．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン（例えば、本明細書に記載される）又はそれと

少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、図１１に列挙される配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８４】

７９．ＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００８５】

８０．ＲＴドメインは、ＢＡＥＶＭ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００８６】

８１．ＲＴドメインは、ＦＦＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００８７】

８２．ＲＴドメインは、ＦＬＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００８８】

８３．ＲＴドメインは、ＦＯＡＭＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００８９】

８４．ＲＴドメインは、ＧＡＬＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９０】

８５．ＲＴドメインは、ＫＯＲＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９１】

８６．ＲＴドメインは、ＭＬＶＡＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９２】

８７．ＲＴドメインは、ＭＬＶＢＭ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９

７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９３】

８８．ＲＴドメインは、ＭＬＶＣＢ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９４】

８９．ＲＴドメインは、ＭＬＶＦＦ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９５】

９０．ＲＴドメインは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９６】

９１．ＲＴドメインは、ＰＥＲＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９７】

９２．ＲＴドメインは、ＳＦＶ１　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９８】

９３．ＲＴドメインは、ＳＦＶ３Ｌ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９９】

９４．ＲＴドメインは、ＷＭＳＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１００】

９５．ＲＴドメインは、ＸＭＲＶ６　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０１】

９６．ＲＴドメインは、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＡＶＩＲＥ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ若しくはＸＭＲＶ６　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０２】

９７．ＲＴドメインは、ガンマレトロウイルスＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０３】

９８．ＲＴドメインは、ＧＡＬＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＡＶＩＲＥ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＷＭＳＶ、ＸＭＲＶ６、ＭＬＶＭＳ、及びＰＥＲＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態９７の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０４】

９９．ＲＴドメインは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２のいずれか１つに列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、いずれかの実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０５】

１００．リンカーは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２のいずれか１つに列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０６】

１０１．ＲＴドメインは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２のいずれか１つに列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含み；

リンカーは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２の同じ行に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０７】

１０２．ＲＴドメインは、ＲＴドメインの野生型配列と比べて、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３位に対応する残基において１つ又は複数（例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、又は２０）のアミノ酸置換を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０８】

１０３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０９】

１０４．ＲＴドメインは、ＲＴドメインの野生型配列と比べて、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿Ｐ０３３５５配列、例えば、配列番号８０７０の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３位に対応する残基において１つ又は複数（例えば

、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、又は２０）のアミノ酸置換を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１０】

１０５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿Ｐ０３３５５配列、例えば、配列番号８０７０、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１１】

１０６．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＡＶＩＲＥ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＡＶＩＲＥ＿Ｐ０３３６０配列、例えば、配列番号８００１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１２】

１０７．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＢＡＥＶＭ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＢＡＥＶＭ＿Ｐ１０２７２配列、例えば、配列番号８００４、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１３】

１０８．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＢＬＶＡＵ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＢＬＶＡＵ＿Ｐ２５０５９配列、例えば、配列番号８００７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１４】

１０９．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＢＬＶＪ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＢＬＶＪ＿Ｐ０３３６１配列、例えば、配列番号８００９、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１５】

１１０．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＦＦＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＦＦＶ＿Ｏ９３２０９配列、例えば、配列番号８０１２、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１６】

１１１．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＦＬＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＦＬＶ＿Ｐ１０２７３配列、例えば、配列番号８０１９、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１７】

１１２．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＦＯＡＭＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＦＯＡＭＶ＿Ｐ１４３５０配列、例えば、配列番号８０２１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含

む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１１８】
１１３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＧＡＬＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＧＡＬＶ＿Ｐ２１４１４配列、例えば、配列番号８０２７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１１９】
１１４．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ１Ａ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ１Ａ＿Ｐ０３３６２配列、例えば、配列番号８０３０、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２０】
１１５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ１Ｃ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ１Ｃ＿Ｐ１４０７８配列、例えば、配列番号８０３３、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２１】
１１６．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ３２　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ３２＿Ｑ０Ｒ５Ｒ２配列、例えば、配列番号８０３８、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２２】
１１７．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ３Ｐ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ３Ｐ＿Ｑ４Ｕ０Ｘ６配列、例えば、配列番号８０４１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２３】
１１８．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＪＳＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＪＳＲＶ＿Ｐ３１６２３配列、例えば、配列番号８０４５、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２４】
１１９．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＫＯＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＫＯＲＶ＿Ｑ９ＴＴＣ１配列、例えば、配列番号８０４７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２５】
１２０．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＡＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＡＶ＿Ｐ０３３５６配列、例えば、配列番号８０５３、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２６】

１２１．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＢＭ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＢＭ＿Ｑ７ＳＶＫ７配列、例えば、配列番号８０５６、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２７】

１２２．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＣＢ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＣＢ＿Ｐ０８３６１配列、例えば、配列番号８０６２、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２８】

１２３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＦ５　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＦ５＿Ｐ２６８１０配列、例えば、配列番号８０６５、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２９】

１２４．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＲＤ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＲＤ＿Ｐ１１２２７配列、例えば、配列番号８０７８、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３０】

１２５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＭＴＶＢ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＭＴＶＢ＿Ｐ０３３６５配列、例えば、配列番号８０８０、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３１】

１２６．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＰＭＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＰＭＶ＿Ｐ０７５７２配列、例えば、配列番号８０９７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３２】

１２７．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＰＥＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２配列、例えば、配列番号８０９９、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３３】

１２８．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＦＶ１　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＦＶ１＿Ｐ２３０７４配列、例えば、配列番号８１０５、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３４】

１２９．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＦＶ３Ｌ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＦＶ３Ｌ＿Ｐ２７４０１配列、例え

ば、配列番号８１１１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３５】

１３０．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＦＶＣＰ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＦＶＣＰ＿Ｑ８７０４０配列、例えば、配列番号８１１７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３６】

１３１．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＭＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＭＲＶＨ＿Ｐ０３３６４配列、例えば、配列番号８１２３、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３７】

１３２．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＲＶ２　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＲＶ２＿Ｐ５１５１７配列、例えば、配列番号８１２６、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３８】

１３３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＷＤＳＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＷＤＳＶ＿Ｏ９２８１５配列、例えば、配列番号８１２８、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３９】

１３４．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＷＭＳＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＷＭＳＶ＿Ｐ０３３５９配列、例えば、配列番号８１３１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４０】

１３５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＸＭＲＶ６　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＸＭＲＶ６＿Ａ１Ｚ６５１配列、例えば、配列番号８１３４、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４１】

１３６．ＲＴドメインは、

ａ）配列番号８１３７の２００位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）；

ｂ）配列番号８１３７の６０３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸トリプトファン（Ｗ）；

ｃ）配列番号８１３７の３３０位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸プロリン（Ｐ）；

ｄ）配列番号８１３７の５２４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グリシン（Ｇ）；

ｅ）配列番号８１３７の５６２位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置における

アミノ酸グルタミン（Ｑ）；
ｆ）配列番号８１３７の５８３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）；
ｇ）配列番号８１３７の５１位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸ロイシン（Ｌ）；
ｈ）配列番号８１３７の６７位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アルギニン（Ｒ）；
ｉ）配列番号８１３７の６７位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；
ｊ）配列番号８１３７の１９７位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アラニン（Ａ）；
ｋ）配列番号８１３７の２０４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アルギニン（Ｒ）；
ｌ）配列番号８１３７の３０２位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；
ｍ）配列番号８１３７の３０９位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）；
ｎ）配列番号８１３７の３１３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸フェニルアラニン（Ｆ）；
ｏ）配列番号８１３７の４３５位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グリシン（Ｇ）；
ｐ）配列番号８１３７の４５４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；
ｑ）配列番号８１３７の５９４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グルタミン（Ｑ）；
ｒ）配列番号８１３７の６７１位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸プロリン（Ｐ）；
ｓ）配列番号８１３７の６９位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；又は
ｔ）配列番号８１３７の６５３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）
を含む、実施形態４０～１３５のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４２】
１３７．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４３】
１３８．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４４】
１３９．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４５】
１４０．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４６】
１４１．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して１０

０％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４７】

１４２．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４８】

１４３．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４９】

１４４．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５０】

１４５．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５１】

１４６．リンカーは、配列番号１１，０４１に対して少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、又は１００％の同一性を有するアミノ酸配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５２】

１４７．ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５３】

１４８．ＲＴドメインは、表２のいずれか１つの行に列挙される１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、又は６）の突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５４】

１４９．ＲＴドメインは、表２のいずれか１つの行に列挙される突然変異の全てを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５５】

１５０．Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５６】

１５１．Ｃａｓドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列に含まれるＣａｓドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５７】

１５２．Ｃａｓドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列に含まれるＣａｓドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含まない、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５８】

１５３．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５９】

１５４．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６０】

１５５．Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６１】

１５６．ＮＬＳを含み、例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、２つのＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６２】

１５７．Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６３】

１５８．ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６４】

１５９．Ｃａｓ９ドメインのＮ末端である第１のＮＬＳ及びＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６５】

１６０．第１のＮＬＳ及びＣａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６６】

１６１．第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６７】

１６２．Ｃａｓドメインとリンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６８】

１６３．ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１６９】

１６４．リンカーとＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１７０】

１６５．ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１７１】

１６６．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

配列番号１～７７４３のいずれか１つに示されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９

０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含み、
ＲＴドメイン及びリンカーのアミノ酸配列は、配列番号１～７７４３のいずれか１つの同じアミノ酸配列に示され、
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、遺伝子組換えポリペプチド。

【０１７２】

１６７．ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、
ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；
ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳを有するリンカー；
ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び
ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列
を含む参照遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又は９０％である活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１７３】

１６８．例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む参照遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１７４】

１６９．先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。

【０１７５】

１７０．実施形態４０～６８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド又は実施形態１６９の核酸を含む細胞。

【０１７６】

１７１．システムであって、
ｉ）実施形態４０～６８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。

【０１７７】

１７２．細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、細胞を、実施形態１７１のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより標的核酸を修飾することを含む方法。

【０１７８】

１７３．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
ＲＴドメインの野生型配列と比べて、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３位に対応する残基において（例えば、それに対して相同な位置における残基において）１つ又は複数（例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、又は２０）のアミノ酸置換を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１７９】
１７４．遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＡＶＩＲＥ　ＲＴの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＣａｓニッカーゼドメインとＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１８０】
１７５．遺伝子組換えポリペプチドであって、
逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７

、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＣａｓニッカーゼドメインとＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８１】

１７６．遺伝子組換えポリペプチドであって、

逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号８００１、８００２若しくは８００３の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、ＣａｓニッカーゼドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号：配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、

１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのいずれかのリンカーのアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８２】

１７７．ＲＴドメインは、配列番号８００１の配列を有する参照ＲＴドメインと比べて、８、５１、６７、６９、１９７、２００、２０４、３０２、３０６、３０９、３１３、３３０、４３６、４５５、５２６、５６４、５８５、５９６、６０５、６５５、６７３位の１つ又は複数における突然変異を含む、実施形態１７４～１７６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８３】

１７８．ＲＴドメインは、以下の突然変異：Ｑ５１Ｌ、Ｔ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｅ６９Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｄ２００Ｎ、Ｎ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｙ３０９Ｎ、Ｗ３１３Ｆ、Ｇ３３０Ｐ、Ｔ４３６Ｇ、Ｎ４５５Ｋ、Ｄ５２６Ｇ、Ｅ５６４Ｑ、Ｄ５８５Ｎ、Ｈ５９６Ｑ、Ｌ６０５Ｗ、Ｄ６５５Ｎ、Ｌ６７３Ｐの１つ又は複数を含む、実施形態１７４～１７７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８４】

１７９．ＲＴドメインは、以下の突然変異：（ａ）Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、及びＬ６０５Ｗ又は（ｂ）Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、Ｌ６０５Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆを含む、実施形態１７８の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８５】

１８０．配列番号１１，０４１～１１，０５０のいずれか１つの配列を有するリンカーを含む、実施形態１７４～１７９のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８６】

１８１．遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，００３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０１に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８７】

１８２．遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，０２０の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０２に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１８８】
１８３．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，０７４の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０３に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１８９】
１８４．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，１１３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０４に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９０】
１８５．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカーを含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９１】
１８６．核局在化シグナル（ＮＬＳ）を含む、実施形態１７４～１８５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９２】
１８７．Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である第１のＮＬＳを含む、実施形態１７４～１８６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９３】
１８８．ＲＴドメインのＣ末端であるＮＬＳを含む、実施形態１７４～１８７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９４】
１８９．Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である第１のＮＬＳ及びＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、実施形態１７４～１８８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９５】
１９０．Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である第１のＮＬＳを含み、ここで、第１のＮＬＳは、ＰＡＡＫＲＶＫＬＤ（配列番号１１，０９５）のアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１８９のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９６】
１９１．ＲＴドメインのＣ末端であるＮＬＳを含み、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥ（配列番号４６５０）のアミノ酸配列を有する、実施形態１７４～１９０のいずれかの遺伝子組換え

ポリペプチド。
【０１９７】
１９２．ＲＴドメインのＣ末端であるＮＬＳを含み、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４６５１）のアミノ酸配列を有する、実施形態１７４～１９１のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９８】
１９３．第１のＮＬＳ及びＣａｓニッカーゼドメインを含む配列番号４０００の配列を含む、実施形態１７４～１９２のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９９】
１９４．第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列を含む、実施形態１７４～１９３のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２００】
１９５．Ｃａｓニッカーゼドメインとリンカーとの間にＧＧアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１９４のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０１】
１９６．ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１９５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０２】
１９７．リンカーとＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１９６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０３】
１９８．Ｃａｓニッカーゼドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインを含む、実施形態１７４～１９７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０４】
１９９．Ｃａｓニッカーゼドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、実施形態１７４～１９８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０５】
２００．Ｃａｓニッカーゼは、配列番号１１，０９６の配列を含む、実施形態１７４～１９９のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０６】
２０１．Ｃａｓニッカーゼは、配列番号９，００１～９，０３７、１１，０９６のいずれかの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、実施形態１７４～２００のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０７】
２０２．ＲＴドメインのＮ末端位置にメチオニンを含む、実施形態１７４～２０１のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０８】
２０３．ＲＴドメインのＮ末端位置にメチオニンを含まない、実施形態１７４～２０２のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２０９】
２０４．配列番号１３７２、１３７３若しくは１４１０のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０３のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２１０】
２０５．配列番号２７８４に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０４のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２１１】
２０６．配列番号６４７に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２１２】
２０７．配列番号１１９７に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２１３】
２０８．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子。
【０２１４】
２０９．ＲＮＡを含む、実施形態２０８の核酸分子。
【０２１５】
２１０．ｍＲＮＡを含む、実施形態２０９の核酸分子。
【０２１６】
２１１．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドを含む細胞。
【０２１７】
２１２．実施形態２０８～２１０のいずれかの核酸分子を含む細胞。
【０２１８】
２１３．システムであって、
ｉ）実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓニッカーゼドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【０２１９】
２１４．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、実施形態２０８～２１０のいずれかの核酸又は実施形態２１３のシステムを含む脂質ナノ粒子製剤。
【０２２０】
２１５．細胞内の標的核酸分子を修飾する方法であって、細胞を、実施形態２１３のシステムと接触させ、それにより標的核酸分子を修飾することを含む方法。
【０２２１】
２１６．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、実施形態２０８～２１０のいずれかの核酸又は実施形態２１３のシステムを使用して、標的プライム逆転写によって標的ゲノムを修飾する方法であって、標的ゲノムを、遺伝子組換えポリペプチド、核酸又はシステムと接触させ、それにより標的核酸分子を修飾することを含む方法。
【０２２２】
一態様では、本開示は、ＤＮＡを修飾するためのシステムであって、（ａ）標的プライミング逆転写が可能な遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸であって、ポリペプチドは、（ｉ）逆転写酵素ドメイン及び（ｉｉ）ＤＮＡに結合し、エンドヌクレアーゼ活性を有するＣａｓ９ニッカーゼを含む、核酸、並びに（ｂ）鋳型ＲＮＡであって、（ｉ）ヒ

ト遺伝子の第１の部分に相補的なｇＲＮＡスペーサー、（ｉｉ）ポリペプチドに結合するｇＲＮＡスカフォールド、（ｉｉｉ）突然変異領域を含む異種目的配列、及び（ｉｖ）鋳型ＲＮＡの３’末端において標的ＤＮＡ鎖に対して１００％の相同性の少なくとも３、４、５、６、７、又は８つの塩基を含むプライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含む鋳型ＲＮＡを含むシステムに関する。

【０２２３】

ｇＲＮＡスペーサーは、鋳型ＲＮＡの５’末端において標的ＤＮＡに対して１００％の相同性の少なくとも１５の塩基を含み得る。鋳型ＲＮＡは、標的ＤＮＡ鎖に対して少なくとも８０％の相同性の少なくとも５つの塩基を含むＰＢＳ配列を更に含み得る。鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数の化学修飾を含み得る。

【０２２４】

遺伝子組換えポリペプチドのドメインは、ペプチドリンカーによって結合され得る。ポリペプチドは、１つ又は複数のペプチドリンカーを含み得る。遺伝子組換えポリペプチドは、核局在化シグナルを更に含み得る。ポリペプチドは、２つ以上の核局在化シグナル、例えば、複数の隣接する核局在化シグナル又はポリペプチドの異なる領域における１つ又は複数の核局在化シグナル、例えば、ポリペプチドのＮ末端における１つ又は複数の核局在化シグナル及びポリペプチドのＣ末端における１つ又は複数の核局在化シグナルを含み得る。遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸は、１つ又は複数のインテインドメインをコードし得る。

【０２２５】

標的細胞へのシステムの導入は、外因性ＤＮＡの少なくとも１、２、３、４、５、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、５００、又は１０００塩基対の挿入をもたらし得る。標的細胞へのシステムの導入は、欠失をもたらし得、ここで、欠失は、挿入の上流又は下流のゲノムＤＮＡの２、３、４、５、１０、５０又は１００塩基対未満である。標的細胞へのシステムの導入は、置換、例えば１、２又は３つのヌクレオチド、例えば連続したヌクレオチドの置換をもたらし得る。

【０２２６】

異種目的配列は、少なくとも５、１０、２５、５０、１００、１５０、２００、２５０、３００、４００、５００、６００、又は７００塩基対であり得る。

【０２２７】

一態様では、本開示は、上記のシステム及び薬学的に許容される賦形剤又は担体を含む医薬組成物に関し、ここで、薬学的に許容される賦形剤又は担体は、プラスミドベクター、ウイルスベクター、小胞、及び脂質ナノ粒子からなる群から選択される。一態様では、本開示は、上記のシステム及び複数の薬学的に許容される賦形剤又は担体を含む医薬組成物に関し、ここで、薬学的に許容される賦形剤又は担体は、プラスミドベクター、ウイルスベクター、小胞、及び脂質ナノ粒子からなる群から選択され、例えば、ここで、上記のシステムは、２つの異なる賦形剤又は担体、例えば、２つの脂質ナノ粒子、２つのウイルスベクター、又は１つの脂質ナノ粒子及び１つのウイルスベクターによって送達される。ウイルスベクターは、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）であり得る。

【０２２８】

一態様では、本開示は、上記のシステムを含む宿主細胞（例えば、哺乳動物細胞、例えば、ヒト細胞）に関する。

【０２２９】

システムは、インビボ、インビトロ、エクスビボ、又はインサイチュで導入され得る。（ａ）の核酸は、宿主細胞のゲノムに組み込まれ得る。一部の実施形態では、（ａ）の核酸は、宿主細胞のゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、異種目的配列は、宿主細胞ゲノム内の１つのみの標的部位において挿入される。異種目的配列は、宿主細胞ゲノム内の２つ以上の標的部位において、例えば、２つの相同染色体における同じ対応する部位又は同じ又は異なる染色体上の２つの異なる部位において挿入され得る。異種目的配列

は、哺乳動物ポリペプチド、又はそのフラグメント若しくは変異体をコードし得る。システムの成分は、１、２、３、４、又はそれ以上の異なる核酸分子上で送達され得る。システムは、エレクトロポレーションによって又はプラスミドベクター、ウイルスベクター、小胞、及び脂質ナノ粒子から選択される少なくとも１つのビヒクルを使用することによって宿主細胞内に導入され得る。

【０２３０】

特許ファイル又は出願ファイルは、色付きで仕上げた少なくとも１つの図面を含有する。色付き図面を有するこの特許公報又は特許出願公報のコピーは、請求と必須の料金の支払いがあれば直ぐに、庁によって提供される。

【図面の簡単な説明】

【０２３１】

【図１】本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを示す。左側のダイアグラムは、Ｃａｓニッカーゼドメイン（例えば、ｓｐＣａｓ９　Ｎ８６３Ａ）及びリンカーによって連結された逆転写酵素ドメイン（ＲＴドメイン）を含む遺伝子組換えポリペプチドを示す。右側のダイアグラムは、５’から３’に、ｇＲＮＡスペーサー、ｇＲＮＡスカフォールド、異種目的配列、及びプライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）を含む鋳型ＲＮＡを示す。異種目的配列は、標的部位と比べて１つ又は複数の配列差を含む突然変異領域を含み得る。異種目的配列は、突然変異領域に隣接する、前編集相同性領域及び後編集相同性領域も含み得る。特定の理論に束縛されることは意図しないが、鋳型ＲＮＡのｇＲＮＡスペーサーが、ゲノム内の標的部位の第２鎖に結合し、鋳型ＲＮＡのｇＲＮＡスカフォールドが、遺伝子組換えポリペプチドに結合して、例えば、遺伝子組換えポリペプチドを、ゲノム内の標的部位に局在化すると考えられる。遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインが、標的部位（例えば、標的部位の第１鎖）に切れ目を入れて、例えば、ＰＢＳ配列を、標的部位の第１鎖上で改変されるべき部位に隣接する配列に結合すると考えられる。遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインが、プライマーとしての鋳型ＲＮＡのＰＢＳ配列及び鋳型としての鋳型ＲＮＡの異種目的配列を含む相補的配列に結合された標的部位の第１鎖を使用して、例えば、異種目的配列に相補的な配列を重合させると考えられる。特定の理論に束縛されることは意図しないが、次に、逆転写が、前編集相同性領域、次に突然変異領域、及び次に後編集相同性領域を通して進行することにより、異種目的配列によって特定される突然変異を含むＤＮＡ鎖を生成し得ると考えられる。

【図２】スクリーニングライブラリーのための遺伝子組換えポリペプチド候補及びスクリーニング方法の説明の概略図を提供する。図２Ａは、遺伝子組換えポリペプチド候補、核局在化シグナル（ＮＬＳ）、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）（Ｓｐｙ）Ｃａｓ９ニッカーゼ（Ｃａｓ９ｎ）、表１０から選択されるペプチドリンカー（リンカー）、及び表６から選択されるレトロウイルス由来の逆転写酵素ドメイン（ＲＴ）を含む融合ポリペプチドの概略図である。図２Ｂは、遺伝子組換えポリペプチド候補のライブラリーからのプールされた要素を用いて行われるスクリーンの概略図を提供する。

【図３】試験細胞株における標的レポーター遺伝子（ＢＦＰ）を含む遺伝子編集を検出するためのアッセイ並びに編集なしか、不完全な編集又はＣからＴへの完全な編集（ＢＦＰではなくＧＦＰの発現及び検出をもたらす）があるかどうかに応じた、アッセイにおける３つの結果の概略図を提供する。

【図４】２つの例示的な遺伝子組換えポリペプチド、ＭＬＶＭＳ及びＭＭＴＶＢの編集活性を示す一連のグラフである。図４Ａは、ＧＦＰ陽性に変換された全細胞のパーセントによって評価される際の、２つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を示す。図４Ｂは、実施例２及び３のスクリーンにおける２つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を示す。図４Ｃは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴファミリー及びＭＭＴＶＢ　ＲＴファミリーのＲＴドメインを含む全ての例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性のバイオリン図を示す。

【図５Ａ】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化

を示すバイオリン図を提供する。図５Ａは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｂは、Ｕ２ＯＳ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｃは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ１０で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｄは、Ｕ２ＯＳ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ１０で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｅは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された、図５Ａに示されるデータの更なるレプリケートについてのデータを示す。図５Ｆは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された、図５Ａに示されるデータの他の更なるレプリケートについてのデータを示す。図５Ｇは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された、図５Ａ、５Ｅ、及び５Ｆのデータを組み合わせたバイオリン図を示す。

【図５Ｂ】同上

【図５Ｃ】同上

【図５Ｄ】同上

【図５Ｅ】同上

【図５Ｆ】同上

【図５Ｇ】同上

【図６】編集活性が、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞（Ｘ軸）又はＵ２ＯＳ細胞（Ｙ軸）内で試験されたときの、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化のグラフを示す。線形回帰線が、散布図データに基づいてプロットされている。

【図７】編集活性が、例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４（Ｘ軸）又は例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ１０（Ｙ軸）内で試験されたときの、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化のグラフを示す。線形回帰線が、散布図データに基づいてプロットされている。

【図８－１】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図（図８Ａ　ＭＬＶＡＶ、図８Ｂ　ＭＬＶＢＭ、図８Ｃ　ＢＡＥＶＭ、図８Ｄ　ＦＬＶ、図８Ｅ、ＦＯＡＭＶ、図８Ｆ　ＧＡＬＶ）を提供し、ここで、野生型ＲＴファミリー遺伝子組換えポリペプチドが、左側に示され、続いて、右側に、増加した数の置換突然変異を含む遺伝子組換えポリペプチドが示される。

【図８－２】同上

【図９－１】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図（図９Ａ　ＫＯＲＶ、図９Ｂ　ＡＶＩＲＥ、図９Ｃ　ＭＬＶＣＢ、図９Ｄ　ＭＬＶＦＦ、図９Ｅ　ＭＬＶＭＳ、図９Ｆ　ＳＦＶ３Ｌ、図９Ｇ　ＷＭＳＶ、図９Ｈ　ＸＭＲＶ６）を提供し、ここで、野生型ＲＴファミリー遺伝子組換えポリペプチドが、左側に示され、続いて、右側に、増加した数の置換突然変異を含む遺伝子組換えポリペプチドが示される。ＫＯＲＶ及びＳＦＶ３Ｌ　ＲＴファミリーについて、ＲＴドメインのプロテアーゼドメインを欠失した／無効にした変異体も評価された。

【図９－２】同上

【図９－３】同上

【図１０】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図（図１０Ａ　ＰＥＲＶ、図１０Ｂ　ＳＦＶ１、図１０Ｃ　ＦＦＶ）を提供し、ここで、野生型ＲＴファミリー遺伝子組換えポリペプチドが、左側に示され、続いて、右側に、増加した数の置換突然変異を含む遺伝子組換えポリペプチドが示される。ＳＦＶ１及びＦＦＶ　ＲＴファミリーについて、ＲＴドメインのプロテアーゼドメインを欠失した／無効にした変異体も評価された。

【図１１】リンカーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択の富化の箱ひげ図を提供し、ここで、点線の四角形は、最も高い性能のリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチドの平均富化を示し、一点鎖線は、前記平均富化の標準誤差を示す。

【図１２】編集が、Ｕ２ＯＳ細胞内のゲノムランディングパッドＢＦＰ遺伝子に標的化さ

れた場合（図１２Ａ）、編集が、Ｕ２ＯＳ細胞内のＨＥＫ３に標的化された場合（図１２Ｂ）、編集が、初代マウス肝細胞内のマウスＦａｈに標的化された場合（図１２Ｃ）、及び編集が、Ｆａｈ５９８１ＳＢモデルマウスの肝臓内のマウスＦａｈに標的化された場合（図１２Ｄ）の、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性のグラフを示す。
【図１３】プラスミド（ＤＮＡ）又はｍＲＮＡとして細胞に提供された後の、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択の富化のグラフを示す。
【図１４】３つの条件のそれぞれにおける遺伝子組換えポリペプチド候補のライブラリーのＺスコアを示すグラフである。
【図１５】フローサイトメトリーを用いた遺伝子組換えポリペプチドのアレイ化スクリーニングのためのワークフローを示すダイアグラムである。
【図１６】図１５に示されるワークフローに従って、遺伝子組換えポリペプチド及びプラスミドを導入した後、成功した書き換え事象を生じ、ＧＦＰ蛍光を示す細胞のパーセンテージを示す一連のグラフである。
【図１７】プールされたＲＴ候補のスクリーニングからの結果と比較した、アレイ化有力候補の試験の結果を示す一連のグラフである。
【発明を実施するための形態】
【０２３２】
定義
「発現カセット」という用語は、本明細書で使用される場合、本発明の核酸分子の発現のために十分な核酸エレメントを含む核酸構築物を指す。
【０２３３】
「ｇＲＮＡスペーサー」は、本明細書で使用される場合、標的核酸に対する相補性を有し、ｇＲＮＡスカフォールドと一緒に、Ｃａｓタンパク質を標的核酸に標的化し得る、核酸の部分を指す。
【０２３４】
「ｇＲＮＡスカフォールド」は、本明細書で使用される場合、Ｃａｓタンパク質に結合し得、ｇＲＮＡスペーサーと一緒に、Ｃａｓタンパク質を標的核酸に標的化し得る、核酸の部分を指す。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスカフォールドは、ｃｒＲＮＡ配列、テトラループ、及びｔｒａｃｒＲＮＡ配列を含む。
【０２３５】
「遺伝子組換えポリペプチド」は、本明細書で使用される場合、レトロウイルス逆転写酵素を含むポリペプチド、又は核酸配列（例えば、鋳型核酸上で提供される配列）を標的ＤＮＡ分子（例えば、宿主細胞内のゲノムＤＮＡ分子などの、哺乳動物宿主細胞内）に組み込むことが可能なレトロウイルス逆転写酵素に対する少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％のアミノ酸配列同一性を有するアミノ酸配列を含むポリペプチドを指す。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、宿主機構に実質的に依存せずに配列を組み込むことが可能である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を、ゲノム内のランダム位置に組み込み、一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を特定の標的部位に組み込む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、集合的に、１）鋳型核酸への結合、２）標的ＤＮＡ分子への結合を促進し、３）鋳型核酸の少なくとも一部の、標的ＤＮＡへの組み込みを促進する１つ又は複数のドメインを含む。遺伝子組換えポリペプチドは、天然ポリペプチド及び例えば天然配列に対する１つ又は複数のアミノ酸置換を有するその操作された変異体の両方を含む。遺伝子組換えポリペプチドは、異種構築物も含み、例えば、ここで、上記に列挙されるドメインの１つ又は複数は、それ以外には野生型ドメインの異種融合（又は他のコンジュゲート）並びに修飾ドメインの融合によるかどうか、例えば、異種サブドメイン又は他の置換ドメインの置換又は融合によるかどうかにかかわらず、互いに異種である。本明細書に提供される方法において使用され得る、例示的な遺伝子組換えポリペプチド、及びそれらを含むシステム及びそれらを使用する方法が、例えば、レトロウイルス逆転写酵素ドメインを含む遺伝子組換えポリペプチドに関して参照により本

明細書に組み込まれるＰＣＴ／ＵＳ２０２１／０２０９４８号明細書に記載される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を遺伝子に組み込む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を、遺伝子の外部の配列に組み込む。「遺伝子組換えシステム」は、本明細書で使用される場合、遺伝子組換えポリペプチド及び鋳型核酸を含むシステムを指す。

【０２３６】

本明細書で使用される用語「ドメイン」は、生体分子の特定の機能に寄与する生体分子の構造を指す。ドメインは、生体分子の連続領域（例えば、連続配列）又は個別の非連続領域（例えば、非連続配列）を含み得る。タンパク質ドメインの例として、以下に限定されないが、エンドヌクレアーゼドメイン、ＤＮＡ結合ドメイン、逆転写ドメインが挙げられる；核酸のドメインの例として、調節ドメイン、例えば転写因子結合ドメインがある。一部の実施形態では、ドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン）は、２つ以上のより小さいドメイン（例えば、ＤＮＡ結合ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメイン）を含み得る。

【０２３７】

本明細書で使用されるように、用語「外性」とは、生体分子（例えば、核酸配列又はポリペプチドなど）に関して用いられる場合、生体分子が、人為的に、宿主ゲノム、細胞若しくは生物に導入されたことを意味する。例えば、組換えＤＮＡ技術又はその他の方法を用いて、既存のゲノム、細胞、組織若しくは対象に付加される核酸は、既存の核酸配列、細胞、組織若しくは対象に対して外性である。

【０２３８】

本明細書中で用いられる、標的ＤＮＡの個々のＤＮＡ鎖を説明するのに用いられる「第１の鎖」及び「第２の鎖」は、２つのＤＮＡ鎖を識別し、これらの鎖に基づいて、逆転写酵素ドメインは、例えば標的プライムド合成が開始する場所に基づいて、重合を開始する。第１の鎖は、標的ＤＮＡの鎖を指し、この上で、逆転写酵素ドメインが重合を開始する、例えば、標的プライムド合成が開始される。第２の鎖は、標的ＤＮＡの他方の鎖を指す。名称第１の鎖及び第２の鎖は、その他の点では標的部位ＤＮＡ鎖を説明しない；例えば、一部の実施形態において、第１の鎖及び第２の鎖は、本明細書中に記載されるポリペプチドによってニックが入れられるが、名称「第１の」及び「第２の」鎖は、そのようなニックが出現する順序とは無関係である。

【０２３９】

「ゲノムセーフハーバー部位」（ＧＳＨ部位）は、例えば、挿入された遺伝因子が、宿主細胞若しくは生物にリスクをもたらす宿主ゲノムの有意な改変を引き起こさないように、新たな遺伝物質の組込みを収容することができる宿主ゲノム内の部位である。ＧＳＨ部位は、概して、以下の基準の１、２、３、４、５、６、７、８若しくは９を満たす：（ｉ）癌関連遺伝子から＞３００ｋｂに位置する；（ｉｉ）ｍｉＲＮＡ／その他の機能性低分子ＲＮＡから＞３００ｋｂに位置する；（ｉｉｉ）５’遺伝子末端から＞５０ｋｂに位置する；（ｉｖ）複製起点から＞５０ｋｂに位置する；（ｖ）超保存エレメントから＞５０ｋｂ離れている；（ｖｉ）低転写活性を有する（すなわちｍＲＮＡ＋／－２５ｋｂがない）；（ｖｉｉ）コピー数可変領域内ではない；（ｖｉｉｉ）オープンクロマチン内である；及び／又は（ｉｘ）ヒトゲノム内に１コピーを有し、ユニークである。これらの基準のいくつか又は全部を満たすヒトゲノム内のＧＳＨ部位の例として、以下のものが挙げられる：（ｉ）アデノウイルス部位１（ＡＡＶＳ１）、１９番染色体上のＡＡＶウイルスの天然に存在する組込み部位；（ｉｉ）ケモカイン（Ｃ－Ｃモチーフ）受容体５（ＣＣＲ５）遺伝子、ＨＩＶ－１共受容体として知られるケモカイン受容体遺伝子；（ｉｉｉ）マウスＲｏｓａ２６遺伝子座のヒトオーソログ；（ｉｖ）リボソームＤＮＡ（「ｒＤＮＡ」）遺伝子座。更に別のＧＳＨ部位が知られており、例えば、Ｐｅｌｌｅｎｚ ｅｔ ａｌ．ｅｐｕｂ Ａｕｇｕｓｔ ２０，２０１８（ｈｔｔｐｓ：／／ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／３９６３９０）に記載されている。

【０２４０】

用語「異種」は、第２の要素に関して第１の要素を表すために使用されるとき、第１の

要素と第２の要素が、記載されるような配置で天然に存在しないことを意味する。例えば、異種ポリペプチド、核酸分子、構築物若しくは配列は、（ａ）それが発現される細胞に対してネイティブではないポリペプチド、核酸分子、又はポリペプチド若しくは核酸分子配列の部分、（ｂ）その天然の状態に対して改変若しくは突然変異したポリペプチド若しくは核酸分子又はポリペプチド若しくは核酸分子の部分、又は（ｃ）類似の条件下でのネイティブ発現レベルと比較して改変された発現を有するポリペプチド又は核酸分子を指す。例えば、異種調節配列（例えば、プロモータ、エンハンサー）を用いて、遺伝子又は核酸分子が天然に通常発現されるものと異なる様式で遺伝子又は核酸分子の発現を調節することができる。別の例において、ポリペプチドの異種ドメイン、又は核酸配列（例えば、ポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン、又はポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインをコードする核酸）は、他のドメインと比較して配置され得るか、或いはポリペプチドの他のドメイン若しくは一部又はそのコード核酸と比較して異なる配列又は異なる供給源由来であり得る。特定の実施形態では、異種核酸分子は、天然の宿主細胞ゲノム内に存在し得るが、改変された発現レベル若しくは異なる配列を有するか、又はその両方であり得る。他の実施形態では、異種核酸分子は、宿主細胞又は宿主ゲノムに内在性でなくてもよいが、代わりに形質転換（例えば、トランスフェクション、エレクトロポレーション）により宿主細胞に導入され得、ここで、付加される分子は、宿主ゲノムに組み込まれ得るか、又は一過性（例えば、ｍＲＮＡ）若しくは２世代以上にわたって半安定的（例えば、エピソームウイルスベクター、プラスミド若しくは他の自己複製ベクター）のいずれかで染色体外遺伝材料として存在することができる。

【０２４１】

本明細書で使用される場合、標的部位への配列の「挿入」は、標的部位におけるＤＮＡ配列の正味の付加を指し、例えば、ここで、非編集標的部位におけるコグネイト位置を有さない異種目的配列における新たなヌクレオチドがある。一部の実施形態では、標的核酸配列に対するＰＢＳ配列及び異種目的配列のヌクレオチドアラインメントが、標的核酸配列におけるアラインメントギャップをもたらすであろう。

【０２４２】

本明細書で使用される場合、標的部位における異種目的配列によって生成される「欠失」は、標的部位におけるＤＮＡ配列の正味の欠失を指し、例えば、ここで、異種目的配列におけるコグネイト位置を有さない非編集標的部位におけるヌクレオチドがある。一部の実施形態では、標的核酸配列に対するＰＢＳ配列及び異種目的配列のヌクレオチドアラインメントが、ＰＢＳ配列及び異種目的配列を含む分子におけるアラインメントギャップをもたらすであろう。

【０２４３】

本明細書中で用いられる用語「逆位末端反復」又は「ＩＴＲ」は、その対称性のためそう命名されたＡＡＶウイルスシスエレメントを指す。そのエレメントは、ＡＡＶゲノムの有効な増加を促進する。ＩＴＲ機能のための最小エレメントは、Ｒｅｐ結合部位（ＲＢＳ；ＡＡＶ２のための５’－ＧＣＧＣＧＣＴＣＧＣＴＣＧＣＴＣ－３’；配列番号４６０１）及び末端分離部位（ＴＲＳ；ＡＡＶ２のための５’－ＡＧＴＴＧＧ－３’；配列番号４６０２）並びにヘアピン形成を可能にする可変的な回文配列であると仮定される。本発明に従えば、ＩＴＲは、少なくともこれらの３つのエレメント（ＲＢＳ、ＴＲＳ、及びヘアピンの形成を可能にする配列）を含む。加えて、本発明において、用語「ＩＴＲ」は、知られている天然のＡＡＶ血清型のＩＴＲ（例えば血清型１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、又は１１　ＡＡＶのＩＴＲ）を、異なる血清型に由来するＩＴＲエレメントの融合によって形成されるキメラＩＴＲを、そしてその機能的バリアントを指す。「機能的バリアント」は、知られているＩＴＲと、少なくとも８０％、８５％、９０％の、好ましくは少なくとも９５％の配列同一性を示し、且つＲｅｐタンパク質の存在下で前記ＩＴＲを含む配列の増加を可能にする配列を指す。

【０２４４】

「突然変異領域」という用語は、本明細書で使用される場合、標的核酸中の対応する配

列と比べて、１つ又は複数の配列差を有する鋳型ＲＮＡ中の領域を指す。配列差は、例えば、置換、挿入、フレームシフト、又は欠失を含み得る。

【０２４５】

用語「（突然）変異型」は、核酸配列に適用されるとき、核酸配列内のヌクレオチドが、参照（例えば、天然）核酸配列に比して、挿入、欠失若しくは変更されていることを意味する。単一の改変が１遺伝子座で為される（点変異）、又は単一遺伝子座で複数のヌクレオチドが挿入、欠失若しくは変更される場合もある。加えて、１核酸配列内の任意の数の遺伝子座で、１つ若しくは複数の改変が為される場合もある。核酸配列は、当技術分野で公知の任意の方法によって突然変異させることができる。

【０２４６】

「核酸分子」は、ＲＮＡ及びＤＮＡ分子の両方を指し、限定しないが、相補的ＤＮＡ（「ｃＤＮＡ」）、ゲノムＤＮＡ（「ｇＤＮＡ」）及びメッセンジャーＲＮＡ（「ｍＲＮＡ」）が挙げられ、本明細書に記載される通り、ＲＮＡ鋳型のように、化学的に合成される又は組換えにより生成されるものなどの合成核酸分子も含む。核酸分子は、二本鎖又は一本鎖、環状若しくは線状であり得る。一本鎖の場合、核酸分子は、センス鎖又はアンチセンス鎖であり得る。別に記載のない限り、また一般フォーマット「配列番号」として本明細書に記載される全ての配列の例として、「配列番号１」を含む核酸は、少なくともその一部が、（ｉ）配列番号１の配列、又は（ｉｉ）配列番号１と相補的な配列のどちらかを有する核酸を指す。２つのどちらを選択するかは、配列番号１が使用される状況によって決定される。例えば、核酸がプローブとして使用される場合、２つの間の選択は、プローブが、所望の標的と相補的であるという要件によって決定される。本開示の核酸配列は、当業者に容易に理解されるように、化学的若しくは生化学的に修飾され得るか、又は非天然若しくは誘導体化ヌクレオチド塩基を含有し得る。こうした修飾として、例えば、標識、メチル化、類似体による１つ若しくは複数の自然発生的なヌクレオチドの置換、無電荷結合（例えば、メチルホスホン酸、リン酸トリエステル、ホスホロアミダート、カルバミン酸塩など）、電荷結合（例えば、ホスホロチオエート、ホスホロジチオエートなど）などのヌクレオチド間修飾、ペンダント部分、（例えば、ポリペプチド）、挿入剤（例えば、アクリジン、ソラレンなど）、キレート剤、アルキル化剤、及び修飾結合（例えば、α－アノマー核酸など）が挙げられる。化学修飾塩基（例えば、以下の表１３を参照）、バックボーン（例えば、以下の表１４を参照）、及び修飾キャップ（例えば、以下の表１５を参照）も含まれる。水素結合及びその他の化学的相互作用により指定配列と結合する能力についてポリヌクレオチドを模倣する合成分子も含まれる。こうした分子は、当技術分野において公知であり、例えば、分子の骨格中のリン酸結合の代わりにペプチド結合を使用するもの、例えばペプチド核酸（ＰＮＡ）がある。他の修飾として、例えば、リボース環が、架橋部分又は「ロックド」核酸（ＬＮＡ）に見いだされる修飾などの他の構造を含む類似体を挙げることができる。種々の実施形態において、核酸は、追加の遺伝的エレメント、例えば、組織特異的発現－制御配列（例えば、組織特異的プロモータ及び組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列）並びに追加のエレメント、例えば逆位反復（例えば逆位末端反復、例えば、ウイルスに由来するエレメント（例えばＡＡＶ　ＩＴＲ））及びタンデム反復、逆位反復／直接反復、相同領域（標的ＤＮＡに対する相同性の程度が異なるセグメント）、非翻訳領域（ＵＴＲ）（５’、３’、又は５’と３’両方のＵＴＲ）並びに前述のものの種々の組合せと作用関連している。本発明によって提供されるシステムの核酸エレメントは、一本鎖、二本鎖の、環状、直鎖状、オープンエンドの直鎖状、クローズドエンドの直鎖状、及びこれらの特定のバージョン、例えばｄｏｇｇｙｂｏｎｅ　ＤＮＡ（ｄｂＤＮＡ）、クローズドエンドのＤＮＡ（ｃｅＤＮＡ）が挙げられる種々のトポロジーで提供され得る。

【０２４７】

本明細書で使用される場合、「遺伝子発現単位」は、少なくとも１つのエフェクター配列に作動可能に連結された少なくとも１つの調節核酸配列を含む核酸配列である。第１の核酸配列は、第１の核酸配列が、第２の核酸配列と機能的に関連して配置されるとき、第

２の核酸配列と作動可能に連結している。例えば、プロモータ又はエンハンサーは、プロモータ又はエンハンサーが、コード配列の転写若しくは発現に影響を及ぼす場合、コード配列と作動可能に連結している。作動可能に連結したＤＮＡ配列は、連続的又は非連続であり得る。２つのタンパク質コード領域を連結する必要がある場合、作動可能に連結した配列が同じリーディングフレーム内に存在し得る。

【０２４８】

「宿主ゲノム」又は「宿主細胞」という用語は、本明細書で使用される場合、タンパク質及び／又は遺伝材料が導入された細胞及び／又はそのゲノムを指す。こうした用語は、特定の対象細胞及び／又はゲノムだけではなく、そのような細胞の子孫及び／又はそのような細胞の子孫のゲノムも指す。特定の修飾は、突然変異又は環境の影響により後の世代に起こり得ることから、こうした子孫は、実際、親細胞と同一ではない場合もあるが、やはり本明細書で使用される用語「宿主細胞」の範囲に含まれることを理解されたい。宿主ゲノム又は宿主細胞は、単離された細胞若しくは培養で増殖した細胞株又はそうした細胞若しくは細胞株から単離されたゲノム物質であり得るか、或いは生体組織若しくは生物を構成する宿主細胞又は宿主ゲノムであり得る。いくつかの事例では、宿主細胞は、例えば、本明細書で記載されるように、動物細胞又は植物細胞であり得る。特定の例では、宿主細胞は、哺乳動物細胞、ヒト細胞、鳥類細胞、爬虫類細胞、ウシ細胞、ウマ細胞、ブタ細胞、ヤギ細胞、ヒツジ細胞、ニワトリ細胞、又はシチメンチョウ細胞であり得る。特定の例では、宿主細胞は、トウモロコシ細胞、ダイズ細胞、コムギ細胞、又はコメ細胞であり得る。

【０２４９】

本明細書中で用いられる「作用関連」は、２つの核酸配列、例えば１）プロモータと、２）異種目的配列との機能的関係を説明し、そしてそのような例では、プロモータ及び異種目的配列（例えば、注目する遺伝子）は、適切な条件の下で、プロモータが異種目的配列の発現を駆動するように、向きを定められていることを意味する。例えば、プロモータと異種目的配列とを有する鋳型核酸は、例えば、（＋）又は（－）の向きの一本鎖であり得る。この鋳型中のプロモータと異種目的配列との間の「作用関連」は、鋳型核酸が特定の状態で転写されることとなるか否かに拘らず、適切な状態にある（例えば、必要とされる触媒因子及びＮＴＰその他の存在下で、（＋）の向きである）場合、正確に転写されることを意味する。作用関連は、他の組織特異的発現制御配列（例えば、エンハンサー、リプレッサ、及びマイクロＲＮＡ認識配列）、ＩＲ／ＤＲ、ＩＴＲ、ＵＴＲ、又は相同領域、及び異種目的配列、又はレトロウイルスＲＴドメインをコードする配列が挙げられる、核酸の他の対に類似して当て嵌まる。

【０２５０】

本明細書中で用いられる「ステム－ループ配列」は、自己相補性がステム－ループを形成するのに十分な、例えば、少なくとも２（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０）塩基対を含むステム、及び少なくとも３（例えば４）塩基対を有するループを有する、核酸配列（例えばＲＮＡ配列）を指す。ステムは、ミスマッチ又はバルジを含み得る。

【０２５１】

本明細書中で用いられる「組織特異的発現－制御配列」は、異種目的配列を、標的組織内に組織特異的に、例えばオフターゲット組織と比較してオンターゲット組織内に優先的に含む転写産物のレベルを増減する核酸エレメントを意味する。一部の実施形態において、組織特異的発現－制御配列は、異種目的配列を、標的組織内に組織特異的に、例えばオフターゲット組織と比較してオンターゲット組織内に優先的に含む転写産物の転写、活性、又は半減期を優先的に駆動又は抑制する。例示的な組織特異的発現－制御配列は、組織特異的プロモータ、リプレッサ、エンハンサー又はそれらの組合せ、及び組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を含む。組織特異性は、オンターゲット（鋳型核酸の発現又は活性が所望されるか、又は容認できる組織）、及びオフターゲット（鋳型核酸の発現又は活性が所望されないか、又は容認できない組織）を指す。例えば、組織特異的プロモータは、オ

フターゲット組織と比較して、オンターゲット組織内で優先的に発現を駆動する。これに対し、組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列に結合するマイクロＲＮＡは、オンターゲット組織と比較して、オフターゲット組織内で優先的に発現されることにより、オフターゲット組織内での鋳型核酸の発現を引き下げる。従って、同じ組織、例えば標的組織に特有のプロモータ及びマイクロＲＮＡ認識配列は、組織内での関連配列の転写、活性、又は半減期に関して、対照的な機能を有する（発現レベルを一致させて、すなわち、オフターゲット組織内でのマイクロＲＮＡの高いレベル、及びオンターゲット組織内での低いレベルをそれぞれ促進且つ抑制する一方、プロモータは、オンターゲット組織内での高い発現、及びオフターゲット組織内での低い発現を駆動する）。

【０２５２】

見出し一覧

１）導入
２）遺伝子組換えシステム
ａ）遺伝子組換えシステムのポリペプチド成分
ｉ）ライティングドメイン
ｉｉ）エンドヌクレアーゼドメイン及びＤＮＡ結合ドメイン
（１）Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド
（２）ＴＡＬエフェクター及びジンクフィンガーヌクレアーゼ
ｉｉｉ）リンカー
ｉｖ）遺伝子組換えシステムのための局在化配列
ｖ）遺伝子組換えポリペプチド及びシステムの進化型変異体
ｖｉ）インテイン
ｖｉｉ）更なるドメイン
ｂ）鋳型核酸
ｉ）ｇＲＮＡスペーサー及びｇＲＮＡスカフォールド
ｉｉ）異種目的配列
ｉｉｉ）ＰＢＳ配列
ｉｖ）例示的な鋳型配列
ｃ）誘導性活性を有するｇＲＮＡ
ｄ）遺伝子組換えシステムにおける環状ＲＮＡ及びリボザイム
ｅ）標的核酸部位
ｆ）第２の鎖ニッキング
３）組成物及びシステムの作製
４）治療用途
５）投与及び送達
ａ）組織特異的活性／投与
ｉ）プロモータ
ｉｉ）ｍｉｃｒｏＲＮＡ
ｂ）ウイルスベクター及びその成分
ｃ）ＡＡＶ投与
ｄ）脂質ナノ粒子
６）キット、製品、及び医薬組成物
７）化学、製造、及び制御（ＣＭＣ）

【０２５３】

導入

本開示は、例えば、インビボ又はインビトロで、細胞、組織若しくは対象におけるＤＮＡ配列内の１つ若しくは複数の位置で、ＤＮＡ配列をターゲティング、編集、修飾若しくは操作する（例えば、哺乳動物ゲノムの標的部位に異種目的配列を挿入する）方法、組成物に関する。異種目的ＤＮＡ配列は、例えば、置換、欠失、挿入、例えばコード配列、調節配列又は遺伝子発現単位を含み得る。

【０２５４】
本開示は、例えば、目的の配列中に／から１つ又は複数のヌクレオチドを挿入するか、欠失させるか又は置換することにより、目的のゲノムＤＮＡ配列を改変するための逆転写酵素ベースのシステムを用いて疾患を処置する方法も提供する。
【０２５５】
本開示は、部分的に、遺伝子組換えポリペプチド成分及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）成分を含む遺伝子組換えシステムを用いて、疾患を処置する方法を提供する。一部の実施形態において、遺伝子組換えシステムを用いて、ゲノム内の標的部位中に改変を導入することができる。一部の実施形態において、遺伝子組換えポリペプチド成分は、ライティングドメイン（例えば逆転写酵素ドメイン）、ＤＮＡ結合ドメイン、及びエンドヌクレアーゼドメイン（例えばニッカーゼドメイン）を含む。一部の実施形態において、鋳型核酸（例えば鋳型ＲＮＡ）は、ゲノム内の標的部位に結合する（例えば、標的部位の第２の鎖に結合する）配列（例えばｇＲＮＡスペーサー）、遺伝子組換えポリペプチド成分に結合する配列（例えばｇＲＮＡスカフォールド）、異種目的配列及びＰＢＳ配列を含む。理論によって拘束されることを望むものではないが、鋳型核酸（例えば鋳型ＲＮＡ）は、ゲノム内の標的部位の第２の鎖に結合して、遺伝子組換えポリペプチド成分に結合する（例えば、ゲノム内の標的部位にポリペプチド成分を局在化させる）と考えられる。遺伝子組換えポリペプチド成分のエンドヌクレアーゼ（例えばニッカーゼ）は、標的部位（例えば、標的部位の第１の鎖）を切断して、例えば、ＰＢＳ配列が、標的部位の第１の鎖上で改変されることとなる部位に隣接する配列に結合し得ると考えられる。ポリペプチド成分のライティングドメイン（例えば、逆転写酵素ドメイン）は、プライマーとしての鋳型核酸のＰＢＳ配列及び鋳型としての鋳型核酸の異種目的配列を含む相補的配列に結合された標的部位の第１の鎖を用いて、例えば、異種目的配列に相補的な配列を重合すると考えられる。理論によって拘束されることを望むものではないが、適切な異種目的配列の選択は、標的部位での１つ以上のヌクレオチドの置換、欠失及び／又は挿入をもたらし得ると考えられる。
【０２５６】
遺伝子組換えシステム
一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムは、（Ａ）遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸を含み、ここで、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）逆転写酵素ドメイン、及び（ｘ）ＤＮＡ結合機能性を含むエンドヌクレアーゼドメイン又は（ｙ）エンドヌクレアーゼドメイン及び別個のＤＮＡ結合ドメインのいずれか；並びに（Ｂ）鋳型ＲＮＡを含む。遺伝子組換えポリペプチドは、一部の実施形態では、宿主機構に実質的に依存せずに、鋳型核酸配列を、標的ＤＮＡ分子（例えば、宿主細胞内のゲノムＤＮＡ分子などの、哺乳動物宿主細胞内）に組み込むことが可能な実質的に自律的なタンパク質機構として働く。例えば、遺伝子組換えタンパク質は、ＤＮＡ結合ドメイン、逆転写酵素ドメイン、及びエンドヌクレアーゼドメインを含み得る。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合機能は、タンパク質をＤＮＡ配列に導くＲＮＡ成分、例えば、ｇＲＮＡスペーサーを含み得る。他の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、逆転写酵素ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメインを含み得る。遺伝子組換えシステムのＲＮＡ鋳型エレメントは、典型的に、遺伝子組換えポリペプチドエレメントに対して異種であり、宿主ゲノム内に挿入（逆転写）される目的配列を提供する。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、標的プライミング逆転写が可能である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第２の鎖合成が可能である。
【０２５７】
一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、第２のポリペプチドと組み合わされる。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、エンドヌクレアーゼドメインを含み得る。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、ポリメラーゼドメイン、例えば、逆転写酵素ドメインを含み得る。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼドメインを含み得る。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、例

えば、第２の鎖合成又はＤＮＡ修復回復に寄与することにより、ゲノム編集の完了を補助する。

【０２５８】

機能的遺伝子組換えポリペプチドは、無関係なＤＮＡ結合、逆転写、及びエンドヌクレアーゼドメインから構成され得る。このモジュラー構造は、機能ドメイン、例えば、ｄＣａｓ９（ＤＮＡ結合）、ＭＭＬＶ逆転写酵素（逆転写）、ＦｏｋＩ（エンドヌクレアーゼ）の組合せを可能にする。一部の実施形態では、複数の機能ドメインは、単一のタンパク質、例えば、Ｃａｓ９又はＣａｓ９ニッカーゼ（ＤＮＡ結合、エンドヌクレアーゼ）から起こることがある。

【０２５９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、集合的に、１）鋳型核酸への結合、２）標的ＤＮＡ分子への結合を促進し、３）鋳型核酸の少なくとも一部の、標的ＤＮＡへの組み込みを促進する１つ又は複数のドメインを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、対応する天然配列に対する１つ又は複数のアミノ酸置換を含む改変されたポリペプチドである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、それ以外には野生型ドメインの異種融合（又は他のコンジュゲート）並びに修飾ドメインの融合による、例えば、異種サブドメイン又は他の置換ドメインの置換又は融合による、互いに対して異種である２つ以上のドメインを含む。例えば、一部の実施形態では、ＲＴドメインが、ＤＢＤに対して異種であるか；ＤＢＤが、エンドヌクレアーゼドメインに対して異種であるか；又はＲＴドメインが、エンドヌクレアーゼドメインに対して異種であるかの１つ又は複数である。

【０２６０】

一部の実施形態では、システムにおける使用のための鋳型ＲＮＡ分子は、５’から３’に、（１）ｇＲＮＡスペーサー；（２）ｇＲＮＡスカフォールド；（３）異種目的配列（４）プライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含む。一部の実施形態では：

（１）約１８～２２ｎｔのｇＲＮＡスペーサーであり、例えば、２０ｎｔであり、

（２）１つ又は複数のヘアピンループ、例えば、鋳型を、Ｃａｓドメイン、例えば、ニッカーゼＣａｓ９ドメインと会合するための１、２、又は３つのループを含むｇＲＮＡスカフォールドである。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスカフォールドは、５’から３’にかけて、ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＧＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＣＣ（配列番号５００８）の配列を含む。

（３）一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、例えば、７～７４、例えば、１０～２０、２０～３０、３０～４０、４０～５０、５０～６０、６０～７０、又は７０～８０ｎｔ若しくは８０～９０ｎｔである。一部の実施形態では、配列の第１の（大抵５’）塩基は、Ｃでない。

（４）一部の実施形態では、ニッキングが起きた後、標的プライミング配列に結合するＰＢＳ配列は、例えば、３～２０ｎｔ、例えば、７～１５ｎｔ、例えば、１２～１４ｎｔである。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、４０～６０％のＧＣ含量を有する。

【０２６１】

一部の実施形態では、システムと会合される第２のｇＲＮＡは、完全な組み込みの駆動を補助し得る。一部の実施形態では、第２のｇＲＮＡは、第１の鎖ニックから０～２００ｎｔ離れた、例えば、第１の鎖ニックから０～５０、５０～１００、１００～２００ｎｔ離れた位置を標的にし得る。一部の実施形態では、第２のｇＲＮＡは、編集がなされた後、その標的配列にのみ結合することができ、例えば、ｇＲＮＡは、異種目的配列内に存在するが、初期標的配列内に存在しない配列に結合する。

【０２６２】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを使用して、ＨＥＫ２９３、Ｋ５６２、Ｕ２ＯＳ、又はＨｅＬａ細胞に編集を実施する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムを使用して、初代細胞、例えば、Ｅ１８．５マウスからの初代皮

質ニューロンに編集を実施する。

【０２６３】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、ＭｏＭＬＶＲＴ配列又はその変異体を含む逆転写酵素又はＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）を含む。複数の実施形態では、ＭｏＭＬＶ　ＲＴ配列は、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｔ３０６Ｋ、Ｗ３１３Ｆ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｄ６５３Ｎ、Ｒ１１０Ｓ、及びＫ１０３Ｌから選択される１つ又は複数の突然変異を含む。複数の実施形態では、ＭｏＭＬＶ　ＲＴ配列は、任意選択で、Ｔ３０６Ｋ及び／又はＷ３１３Ｆを更に含む、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、及びＴ３３０Ｐなどの突然変異の組合せを含む。

【０２６４】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、例えば、Ｈ８４０Ａ突然変異を含む、ｎＣＡＳ９を含む。

【０２６５】

一部の実施形態では、（例えば、本明細書に記載されるシステムの）異種目的配列は、約１～５０、５０～１００、１００～２００、２００～３００、３００～４００、４００～５００、５００～６００、６００～７００、７００～８００、８００～９００、９００～１０００、又はそれ以上のヌクレオチド長である。

【０２６６】

一部の実施形態では、ＲＴ及びエンドヌクレアーゼドメインは、例えば、アミノ酸配列ＳＧＧＳＳＧＧＳＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳＳＧＧＳＳＧＧＳＳ（配列番号５００６）を含む、フレキシブルリンカーによって連結される。

【０２６７】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＲＴドメインに対するＮ末端である。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＲＴドメインに対するＣ末端である。

【０２６８】

一部の実施形態では、システムは、例えば、本明細書に記載のように、ＴＰＲＴによって異種目的配列を標的部位に組み込む。

【０２６９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＲＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、Ｂ－ボックスタンパク質のＲＮＡ結合ドメイン、ＭＳ２コートタンパク質、ｄＣａｓ、又は本明細書中の表の配列のエレメントを含む。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、標準ＲＮＡ結合ドメインより高い親和性で鋳型ＲＮＡに結合することができる。

【０２７０】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５若しくは１００ヌクレオチド（及び任意選択で５００以下、４００、３００、２００、又は１００ヌクレオチド）の標的部位に挿入を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５若しくは１００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００、２００若しくは１００ヌクレオチド以下）の標的部位に挿入を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも０．２、０．３、０．４、０．５、０．６、０．７、０．８、０．９、１、１．５、２、２．５、３、３．５、４、４．５、５、５．５、６、６．５、７、７．５、８、８．５、９、９．５又は１０キロベース（及び任意選択で１、５、１０又は２０キロベース以下）の標的部位に挿入を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝

子組換えシステムは、少なくとも８１、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００若しくは２００ヌクレオチド以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも８１、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００若しくは２００ヌクレオチド以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００若しくは２００ヌクレオチド以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも０．２、０．３、０．４、０．５、０．６、０．７、０．８、０．９、１、１．５、２、２．５、３、３．５、４、４．５、５、５．５、６、６．５、７、７．５、８、８．５、９、９．５若しくは１０キロベース（及び任意選択で１、５、１０若しくは２０キロベース以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０若しくは１００又はそれ以上のヌクレオチドの標的部位に置換を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、１～２、２～３、３～４、４～５、５～１０、１０～１５、１５～２０、２０～３０、３０～４０、４０～５０、５０～６０、６０～７０、７０～８０、８０～９０若しくは９０～１００ヌクレオチドの標的部位に置換を生成することができる。

【０２７１】

一部の実施形態では、置換は、塩基転位型突然変異である。一部の実施形態では、置換は、トランスバージョン突然変異である。一部の実施形態では、置換は、アデニンをチミンに、アデニンをグアニンに、アデニンをシトシンに、グアニンをチミンに、グアニンをシトシンに、グアニンをアデニンに、チミンをシトシンに、チミンをアデニンに、チミンをグアニンに、シトシンをアデニンに、シトシンをグアニンに、又はシトシンをチミンに変換する。

【０２７２】

一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、プロモータ又はエンハンサー内の配列、例えば転写因子に結合する配列を改変し、付加し、又は欠失させることにより、遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、遺伝子の翻訳を改変し（例えば、アミノ酸配列を改変し）、開始若しくは停止コドンを挿入するか若しくは欠失させ、遺伝子の翻訳フレームを改変若しくは修復する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、例えば、スプライスアクセプター又はドナー部位を挿入し、欠失させ、又は改変することにより、遺伝子のスプライシングを改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、転写物又はタンパク質の半減期を改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、細胞におけるタンパク質局在化を改変する（例えば、細胞質からミトコンドリアにかけて、細胞質から細胞外空間内へ（例えば、分泌タグを付加する））。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、タンパク質フォールディングを改変する（例えば、改善する）（例えば、ミスフォールドタンパク質の蓄積を阻止するため）。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、遺伝子、例えば、遺伝子によってコードされるタンパク質の活性を改変し、増加させ、減少させる。

【０２７３】

例示的な遺伝子組換えポリペプチド、及びそれらを含むシステム及びそれらを使用する方法が、例えば、アミノ酸及びその中の核酸配列を含め、レトロウイルスＲＴドメインに関して参照により本明細書に組み込まれるＰＣＴ／ＵＳ２０２１／０２０９４８号明細書に記載される。

【０２７４】

例示的な遺伝子組換えポリペプチド及びレトロウイルスＲＴドメイン配列は、例えば、２０２１年３月４日に出願された国際特許出願番号ＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書、例えばその中の表３０、表３１及び表４４にも記載され；この出願全体が例えば前記配列及び表中のレトロウイルスＲＴに関して参照により本明細書に組み込まれる。従って、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、この段落に記載された表のいずれかに従うアミノ酸配列又はそのドメイン（例えば、レトロウイルスＲＴドメイン）、又は上記のいずれかのその機能的フラグメント若しくはバリアント、又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含み得る。

【０２７５】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムのいずれかにおける使用のためのポリペプチドは、複数の相同タンパク質の整列されたポリペプチド配列に基づく、分子再構築体又は祖先再構築体であり得る。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムのいずれかにおける使用のための逆転写酵素ドメインは、分子再構築体若しくは祖先再構築体であり得、又は同じ又は異なる源からの逆転写酵素ドメインのアラインメントに基づいて、特定の残基において修飾され得る。当業者は、本明細書に提供される受入番号に基づき、例えば、保存ドメイン分析のためのＢａｓｉｃ　Ｌｏｃａｌ　Ａｌｉｇｎｍｅｎｔ　Ｓｅａｒｃｈ　Ｔｏｏｌ（ＢＬＡＳＴ）又はＣＤ－Ｓｅａｒｃｈのような常用の配列分析ツールを使用することにより、ポリペプチド又は核酸配列を整列させることができる。分子再構築体は、配列コンセンサスに基づき、例えば、Ｉｖｉｃｓ　ｅｔ　ａｌ．，Ｃｅｌｌ　１９９７，５０１－５１０；Ｗａｇｓｔａｆｆ　ｅｔ　ａｌ．，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｂｉｏｌｏｇｙ　ａｎｄ　Ｅｖｏｌｕｔｉｏｎ　２０１３，８８－９９に記載の手法を用いて作製され得る。

【０２７６】

遺伝子組換えシステムのポリペプチド成分

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ標的部位結合、鋳型核酸（例えば、ＲＮＡ）結合、ＤＮＡ標的部位切断、及び鋳型核酸（例えば、ＲＮＡ）ライティング、例えば、逆転写の機能を有する。一部の実施形態では、各機能は、異なるドメイン内に含まれる。一部の実施形態では、機能は、２つ以上のドメインに起因し得る（例えば、２つ以上のドメインは、一緒に機能性を示す）。一部の実施形態では、２つ以上のドメインは、同一又は類似機能を有し得る（例えば、２つ以上のドメインは、それぞれ独立して、例えば、２つの異なるＤＮＡ配列において、ＤＮＡ結合機能性を有する）。他の実施形態では、１つ又は複数のドメインは、１つ又は複数の機能を実行可能であり、例えば、Ｃａｓ９ドメインは、ＤＮＡ結合及び標的部位切断の両方を実行可能であり得る。一部の実施形態では、ドメインは全て、単一のポリペプチド内部に位置する。一部の実施形態では、第１ドメインは、第１ポリペプチド中に存在し、第２ドメインは、第２ポリペプチド中に存在する。例えば、一部の実施形態では、配列は、第１ポリペプチドと第２ポリペプチドとの間で分割され得、例えば、第１ポリペプチドは、逆転写酵素（ＲＴ）ドメインを含み、且つ第２ポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメイン、例えばニッカーゼドメインを含む。更なる例として、一部の実施形態では、第１ポリペプチド及び第２ポリペプチドのそれぞれは、ＤＮＡ結合ドメイン（例えば、第１ＤＮＡ結合ドメイン及び第２ＤＮＡ結合ドメイン）を含む。一部の実施形態では、第１及び第２のポリペプチドは、翻訳後、スプリットインテインを介して結合されて、単一の遺伝子組換えポリペプチドを形成し得る。

【０２７７】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＡＶＩＲＥ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２７８】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＢＡＥＶＭ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２７９】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＦＦＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８０】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＦＬＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメイン

が、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８１】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＦＯＡＭＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８２】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＧＡＬＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８３】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＫＯＲＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８４】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＡＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２８５】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＭＬＶＢＭ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２８６】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＭＬＶＣＢ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２８７】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＭＬＶＦＦ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２８８】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＭＬＶＭＳ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６

％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８９】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＰＥＲＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９０】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＦＶ１　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９１】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９２】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＷＭＳＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９３】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＸＭＲＶ６　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９４】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＢＬＶＡＵ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９５】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＢＬＶＪ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９６】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ１Ａ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５

％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９７】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ１Ｃ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９８】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ１Ｌ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９９】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ３２　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３００】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ３Ｐ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０１】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬＶ２　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０２】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＪＳＲＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０３】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＦ５　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０３０４】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＲＤ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０５】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＭＴＶＢ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０６】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＰＭＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０７】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＦＶＣＰ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン

、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０３０８】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＳＭＲＶＨ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０３０９】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＳＲＶ１　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０３１０】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＳＲＶ２　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０３１１】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＷＤＳＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３１２】
遺伝子組換えドメイン（ＲＴドメイン）
本発明の特定の態様では、遺伝子組換えシステムの遺伝子組換えドメインは、逆転写酵素活性を有し、逆転写酵素ドメイン（ＲＴドメイン）とも称される。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、ＲＴ触媒部分、ＲＮＡ結合領域（例えば、鋳型ＲＮＡに結合する領域）を含む。
【０３１３】
一部の実施形態では、逆転写酵素をコードする核酸は、例えばヒト細胞について改善された、改変されたコドン使用を有するように、その天然配列から改変される。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、レトロウイルスからの異種の逆転写酵素である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドを含むＲＴドメインは、その元のアミノ酸配列から突然変異されている、例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、２０、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０若しくは１００の置換を有する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、レトロウイルスのＲＴ、例えば、ＨＩＶ－１ ＲＴ、モロニーマウス白血病ウイルス（Ｍｏｌｏｎｅｙ Ｍｕｒｉｎｅ Ｌｅｕｋｅｍｉａ Ｖｉｒｕｓ）（ＭＭＬＶ）ＲＴ、トリ骨髄芽球症ウイルス（ａｖｉａｎ ｍｙｅｌｏｂｌａｓｔｏｓｉｓ ｖｉｒｕｓ）（ＡＭＶ）ＲＴ、又はラウス肉腫ウイルス（Ｒｏｕｓ Ｓａｒｃｏｍａ Ｖｉｒｕｓ）（ＲＳＶ）ＲＴに由来する。
【０３１４】
一部の実施形態では、レトロウイルス逆転写酵素（ＲＴ）ドメインは、ターゲットプライム逆転写（ＴＰＲＴ）開始の、例えば内因性ＲＴドメインと比較して増加したストリンジェンシーを示す。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、第１の鎖ニックの直ぐ上流の標的部位内の３ｎｔ、例えばＲＮＡ鋳型をプライムするゲノムＤＮＡが、ＲＮＡ鋳型中の相同性の３ｎｔに対して少なくとも６６％若しくは１００％の相補性を有するとき、ＴＰＲＴを開始する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、鋳型ＲＮＡの相同性と標的ＤＮＡプライミング逆転写との間で５ｎｔ未満が一致しない（例えば、１、２、３、４又は５ｎｔ未満が一致しない）とき、ＴＰＲＴを開始する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、ＴＰＲＴ反応のプライミングでのミスマッチにおけるストリンジェンシーが増加するように修飾され、例えば、ＲＴドメインは、野生型（例えば、非修飾）ＲＴドメインと比較して、プライミング領域内でのミスマッチを全く許容しないか、又はミスマッチをより少なければ許容する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、ＨＩＶ－１ ＲＴドメインを含む。複数の実施形態では、ＨＩＶ－１ ＲＴドメインは、代替的なＲＴドメイン（例えば、Ｊａｍｂｕｒｕｔｈｕｇｏｄａ ａｎｄ Ｅｉｃｋｂｕｓｈ Ｊ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ ４０７（５）：６６１－６７２（２０１１）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）によって記載のとおり）と比較して、３つのヌクレオチドミスマッチであっても、より低いレベルで合成を開始する。
【０３１５】
一部の実施形態では、ＲＴドメインは、二量体（例えば、ヘテロ二量体又はホモ二量体）を形成する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、単量体である。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、天然には単量体又は二量体（例えば、ヘテロ二量体又はホモ二量体）として機能する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、天然には単量体として機能する、例えば、単量体として機能するウイルスに由来する。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、マウス白血病ウイルス（ｍｕｒｉｎｅ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＭＬＶ；時としてＭｏＭＬＶと称される）（例えば、Ｐ０３３５５）、ブタ内因性レトロウイルス（ｐｏｒｃｉｎｅ ｅｎｄｏｇｅｎｏｕｓ ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）（ＰＥＲＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｑ４ＶＦＺ２）、マウス乳腺腫瘍ウイルス（ｍｏｕｓｅ ｍａ

ｍｍａｒｙ ｔｕｍｏｒ ｖｉｒｕｓ）（ＭＭＴＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６５）、マソン・ファイザー・サルウイルス（Ｍａｓｏｎ－Ｐｆｉｚｅｒ ｍｏｎｋｅｙ ｖｉｒｕｓ）（ＭＰＭＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０７５７２）、ウシ白血病ウイルス（ｂｏｖｉｎｅ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＢＬＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６１）、ヒトＴ細胞白血病ウイルス－１（ｈｕｍａｎ Ｔ－ｃｅｌｌ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ－１）（ＨＴＬＶ－１）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６２）、ヒト泡沫状ウイルス（ｈｕｍａｎ ｆｏａｍｙ ｖｉｒｕｓ）（ＨＦＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１４３５０）、サル泡沫状ウイルス（ｓｉｍｉａｎ ｆｏａｍｙ ｖｉｒｕｓ）（ＳＦＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ２３０７４）若しくはウシ泡沫状／シンシチウムウイルス（ｂｏｖｉｎｅ ｆｏａｍｙ／ｓｙｎｃｙｔｉａｌ ｖｉｒｕｓ）（ＢＦＶ／ＢＳＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｏ４１８９４）、又はその機能性断片若しくは変異体（例えば、それと少なくとも７０％、８０％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）からのＲＴドメインから選択される。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、その天然機能性において二量体である。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、二量体として機能するウイルスに由来する。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、トリ肉腫／白血病ウイルス（ａｖｉａｎ ｓａｒｃｏｍａ／ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＡＳＬＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ａ０Ａ１４２ＢＫＨ１）、ラウス肉腫ウイルス（Ｒｏｕｓ ｓａｒｃｏｍａ ｖｉｒｕｓ）（ＲＳＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３５４）、トリ骨髄芽球症ウイルス（ａｖｉａｎ ｍｙｅｌｏｂｌａｓｔｏｓｉｓ ｖｉｒｕｓ）（ＡＭＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｑ８３１３３）、ヒト免疫不全ウイルスＩ型（ｈｕｍａｎ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ ｔｙｐｅ Ｉ）（ＨＩＶ－１）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６９）、ヒト免疫不全ウイルスＩＩ型（ｈｕｍａｎ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ ｔｙｐｅ ＩＩ）（ＨＩＶ－２）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１５８３３）、サル免疫不全ウイルス（ｓｉｍｉａｎ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ）（ＳＩＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０５８９６）、ウシ免疫不全ウイルス（ｂｏｖｉｎｅ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ）（ＢＩＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１９５６０）、ウマ感染性貧血ウイルス（ｅｑｕｉｎｅ ｉｎｆｅｃｔｉｏｕｓ ａｎｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＥＩＡＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３７１）、又はネコ免疫不全ウイルス（ｆｅｌｉｎｅ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ）（ＦＩＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１６０８８）（Ｈｅｒｓｃｈｈｏｒｎ ａｎｄ Ｈｉｚｉ Ｃｅｌｌ Ｍｏｌ Ｌｉｆｅ Ｓｃｉ ６７（１６）：２７１７－２７４７（２０１０））、又はその機能性断片若しくは変異体（例えば、それと少なくとも７０％、８０％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）からのＲＴドメインから選択される。天然には、ヘテロ二量体ＲＴドメインは、一部の実施形態では、ホモ二量体として機能的でもあり得る。一部の実施形態では、二量体ＲＴドメインは、融合タンパク質として、例えば、ホモ二量体融合タンパク質又はヘテロ二量体融合タンパク質として発現される。一部の実施形態では、システムのＲＴ機能は、（例えば、本明細書に記載のような）複数のＲＴドメインによって満たされる。更なる実施形態では、複数のＲＴドメインは、融合されるか又は分かれており、例えば、同じポリペプチド上又は異なるポリペプチド上に存在し得る。

【０３１６】

一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、インテグラーゼドメインを含み、例えば、インテグラーゼドメインは、ＲＴドメインの一部であり得る。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、インテグラーゼドメインを含む。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、インテグラーゼドメインを欠いており、又は突然変異若しくは欠失によって不活性化されているインテグラーゼドメインを含む。一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、リボヌクレアーゼＨドメインを含み、例えば、リボヌクレアーゼＨドメインは、ＲＴドメインの一部であり得る。一部の実施形態では、ＲＮａｓｅ Ｈドメイ

ンは、ＲＴドメインの一部ではなく、フレキシブルリンカーを介して共有結合的に連結される。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、リボヌクレアーゼＨドメイン、例えば、内因性リボヌクレアーゼＨドメイン又は異種リボヌクレアーゼＨドメインを含む。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、リボヌクレアーゼＨドメインを欠いている。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、異種リボヌクレアーゼＨドメインに対して、付加、欠失、突然変異、又は交換されているリボヌクレアーゼＨドメインを含む。一部の実施形態では、ポリペプチドは、不活性化内因性ＲＮａｓｅ　Ｈドメインを含む。一部の実施形態では、ポリペプチドの他のドメインの１つからの内因性ＲＮａｓｅ　Ｈドメインは、それがポリペプチドに含まれないように遺伝子的に除去され、例えば、内因性ＲＮａｓｅ　Ｈドメインは、ドメインを含むポリペプチドから部分的に又は完全に切断される。一部の実施形態では、リボヌクレアーゼＨドメインの突然変異は、例えば、Ｋｏｔｅｗｉｃｚ　ｅｔ　ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ　Ａｃｉｄｓ　Ｒｅｓ　１６（１）：２６５－２７７（１９８８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）における方法による測定として、例えば、突然変異を有しない他の類似ドメインと比較して、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、８０％若しくは９０％だけより低い、より低いリボヌクレアーゼ活性を示すポリペプチドを生成する。一部の実施形態では、リボヌクレアーゼＨ活性は、消失する。

【０３１７】

一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異を受け、突然変異を有しない他の類似ドメインと比較して忠実度が増加する。例えば、一部の実施形態では、ＲＴドメイン内（例えば、逆転写酵素中）のＹＡＤＤ又はＹＭＤＤモチーフは、ＹＶＤＤと置換される。複数の実施形態では、ＹＡＤＤ、又はＹＭＤＤ、又はＹＶＤＤの置換は、レトロウイルス逆転写酵素活性において、より高い忠実度をもたらす（例えば、Ｊａｍｂｕｒｕｔｈｕｇｏｄａ　ａｎｄ　Ｅｉｃｋｂｕｓｈ　Ｊ　Ｍｏｌ　Ｂｉｏｌ　２０１１に記載される；その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。

【０３１８】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、表６に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するＲＴドメインを含む。一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸は、表６に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するＲＴドメインをコードする。

【０３１９】

【表６－１】

表6: レトロウイルスからの例示的な逆転写酵素ドメイン

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| AVIRE_P03360 | 8,001 | TAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPV RKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFD EALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQV REFLGTIGYCRLWIPGFAELAQPLYAATRGGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLD TLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIY RERGLLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATIS |
| AVIRE_P03360_3mut | 8,002 | TAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPV RKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQV REFLGTIGYCRLWIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLD TLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIY RERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATIS |
| AVIRE_P03360_3mutA | 8,003 | TAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPV RKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQV REFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKR LDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDT LDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIY RERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATIS |
| BAEVM_P10272 | 8,004 | TVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVK KPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFD EALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPRE VREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKESTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKK LDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCR QVLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTH GSIYERRGLLTSEGKEIKNKAEIIALKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHIT |
| BAEVM_P10272_3mut | 8,005 | TVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVK KPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPRE VREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKK LDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCR QVLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHG SIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHIT |
| BAEVM_P10272_3mutA | 8,006 | TVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVK KPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPRE VREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKL DPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQ VLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHG SIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHIT |
| BLVAU_P25059 | 8,007 | GVLDAPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRVTNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HLPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRSYFAFTLPTPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFERALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYVSPTEEQRLQCY QTMAAHLRDLGFQVASEKTRQTPSPVPFLGQMVHERMVTYQSLPTLQISSPISLHQLQTVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKGIDDPRAIIHLSP EQQQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQAQALSSYAKTILKYYHNLPK TSLDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLVTRAEVFLTPQFSPEPIPAALCLFSDGAARRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELA GLLAGLAAAPPEPLNIWVDSKYLYSLLRTLVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIFVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |

【０３２０】

【表６－２】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| BLVAU_P25059_2mut | 8,008 | GVLDAPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRVTNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HLPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRSYFAFTLPTPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFQRALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYVSPTEEQRLQCY QTMAAHLRDLGFQVASEKTRQTPSPVPFLGQMVHERMVTYQSLPTLQISSPISLHQLQTVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKPIDDPRAIIHLSP EQQQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQAAQALSSYAKTILKYYHNLPK TSLDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLVTRAEVFLTPQFSPEPIPAALCLFSDGAARRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELA GLLAGLAAAPPEPLNIWVDSKYLYSLLRTLVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| BLVJ_P03361 | 8,009 | GVLDTPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRATNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HPPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRFYLSFTLPSPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFERALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYASPTEEQRSQCY QALAARLRDLGFQVASEKTSQTPSPVPFLGQMVHEQIVTYQSLPTLQISSPISLHQLQAVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKRHHDPRAIIQLSPE QLQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQTQALSSYAKPILKYYHNLPKTS LDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGATGRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELAGL LAGLAAAPPEPVNIWVDSKYLYSLLRTLVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| BLVJ_P03361_2mut | 8,010 | GVLDTPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRATNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HPPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRFYLSFTLPSPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFNRALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYASPTEEQRSQCY QALAARLRDLGFQVASEKTSQTPSPVPFLGQMVHEQIVTYQSLPTLQISSPISLHQLQAVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKRHHDPRAIIQLSPE QLQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQTQALSSYAKPILKYYHNLPKTS LDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGATGRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELAGL LAGLAAAPPEPVNIWVDSKYLYSLLRTWVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| BLVJ_P03361_2mutB | 8,011 | GVLDTPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRATNALTKPIPALSPGPPDLTAPP THPPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRFYLSFTLPSPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFQRALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYASPTEEQRSQC YQALAARLRDLGFQVASEKTSQTPSPVPFLGQMVHEQIVTYQSLPTLQISSPISLHQLQAVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKRHHDPRAIIQLSP EQLQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQTQALSSYAKPILKYYHNLPKT SLDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGATGRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELAG LLAGLAAAPPEPVNIWVDSKYLYSLLRTWVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| FFV_O93209 | 8,012 | MDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADITCVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLD LEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPV PKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFTGDVVDL LQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPD FTELIAPLYALIPKSTKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKG LLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKE GHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISKWKSV ADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH |
| FFV_O93209_2mut | 8,013 | MDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADITCVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLD LEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPV PKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDL LQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPD FTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKG LLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKE GHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISKWKSV ADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH |
| FFV_O93209_2mutA | 8,014 | MDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADITCVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLD LEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPV PKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDL LQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGKLNFARNFIPD FTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKG LLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI |
| FFV_O93209-Pro | 8,015 | VPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGV LIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGF LNSPGLFTGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQ SILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELK FTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI FYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNR KKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH |
| FFV_O93209-Pro_2mut | 8,016 | VPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGV LIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGF LNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQ SILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELK FTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI FYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNR KKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH |
| FFV_O93209-Pro_2mutA | 8,017 | VPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGV LIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGF LNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQ SILGKLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELK FTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI |

【０３２１】

【表６－３】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | FYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNR KKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH |
| FLV_P 10273 | 8,018 | TLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLP VKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTL FDEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSR QVREFLGTAGYCRLWIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSK KLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDC LQILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVH GEIYRRRGLLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLP |
| FLV_P 10273_ 3mut | 8,019 | TLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLP VKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTL FNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSR QVREFLGTAGYCRLWIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSK KLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDC LQILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVH GEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLP |
| FLV_P 10273_ 3mutA | 8,020 | TLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLP VKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTL FNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSR QVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKK LDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCL QILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHG EIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLP |
| FOAM V_P14 350 | 8,021 | MNPLQLLQPLPAEIKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKKTLIKTIHGEKQQNVYYVTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTIL VPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTPV YPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTADV VDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFAR NFIPNFAELVQPLYNLIASAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLEKL LTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPSQYEGVFYTDGSAI KSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKKPLKHISK WKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAM V_P14 350_2 mut | 8,022 | MNPLQLLQPLPAEIKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKKTLIKTIHGEKQQNVYYVTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTIL VPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTPV YPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV VDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFAR NFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLEKL LTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPSQYEGVFYTDGSAI KSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKKPLKHISK WKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAM V_P14 350_2 mutA | 8,023 | MNPLQLLQPLPAEIKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKKTLIKTIHGEKQQNVYYVTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTIL VPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTPV YPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV VDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLKQLQSILGKLNFAR NFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLEKL LTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPSQYEGVFYTDGSAI KSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKKPLKHISK WKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAM V_P14 350-Pro | 8,024 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFTADVVDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLK QLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQPLYNLIASAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVF SKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPS QYEGVFYTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKKPLKHISKWKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAM V_P14 350-Pro_2mut | 8,025 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHP SQYEGVFYTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNG FVNNKKKPLKHISKWKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAM V_P14 350-Pro_2mutA | 8,026 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDL KQLQSILGKLNFARNFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHP |

【０３２２】

【表６－４】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | SQYEGVFYTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNG FVNNKKKPLKHISKWKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| GALV_P21414 | 8,027 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQKFLDLGVLVPCRSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSYTWYSVLDLKDAFFCLRLHPNSQPLFAFEWKDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFDEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYEDCKKGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQREVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPVP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKESIPFIWTEEHQQAFDHIKKALLSAPALALPDLTKPFTLYIDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLEDQPLPGVPTWYTDGSSFITEGKRRAGAPIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKNINIYTDSRYAFATAHIH GAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPRRVAIIHCPGHQRGSNPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAGTTKP |
| GALV_P21414_3mut | 8,028 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQKFLDLGVLVPCRSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSYTWYSVLDLKDAFFCLRLHPNSQPLFAFEWKDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYEDCKKGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQREVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPVP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQQAFDHIKKALLSAPALALPDLTKPFTLYIDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLEDQPLPGVPTWYTDGSSFITEGKRRAGAPIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKNINIYTDSRYAFATAHIH GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPRRVAIIHCPGHQRGSNPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAGTTKP |
| GALV_P21414_3mutA | 8,029 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQKFLDLGVLVPCRSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSYTWYSVLDLKDAFFCLRLHPNSQPLFAFEWKDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYEDCKKGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQREVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPVP TTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQQAFDHIKKALLSAPALALPDLTKPFTLYIDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL SKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLEDQPLPGVPTWYTDGSSFITEGKRRAGAPIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKNINIYTDSRYAFATAHIH GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPRRVAIIHCPGHQRGSNPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAGTTKP |
| HTL1A_P03362 | 8,030 | AVLGLEHLPRPPQISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLRDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFEMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQRHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKEQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKQILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1A_P03362_2mut | 8,031 | AVLGLEHLPRPPQISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLRDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQPHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKEQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKQILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1A_P03362_2mutB | 8,032 | AVLGLEHLPRPPQISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSPPTTLAHLQTI DLRDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQPHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKEQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKQILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1C_P14078 | 8,033 | AVLGLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLKDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWRVLPQGFKNSPTLFEMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHADLQLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPKVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQRHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTTAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1C_P14078_2mut | 8,034 | AVLGLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLKDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWRVLPQGFKNSPTLFEMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHADLQLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPKVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQRHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTTAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1L_P0C211 | 8,035 | GLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTVDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTIDLK DAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFEMQLASILQPIRQAFPQCVILQYMDDILLASPSPEDLQQLSEATMASLISH GLPVSQDKTQQTPGTIKFLGQIISPNHITYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQGHTDPRDQIYLNPSQVQSLMQLQ QALSQNCRSRLAQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISIQTFNQFIQTSD HPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALTPVFTLSPIIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQQAELLGLLH GLSSARSWHCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGKSSQAPFQALLPRLLAHKVIYLHHVRSHTNLPDPISKLNALTDALLITPIL |
| HTL1L_P0C211_2mut | 8,036 | GLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTVDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTIDLK DAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLASILQPIRQAFPQCVILQYMDDILLASPSPEDLQQLSEATMASLISH GLPVSQDKTQQTPGTIKFLGQIISPNHITYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQGHTDPRDQIYLNPSQVQSLMQLQ QALSQNCRSRLAQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISIQTFNQFIQTSD HPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALTPVFTLSPIIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQQAELLGLLH GLSSARSWHCLNIFLDSKYLYHYLRTLAWGTFQGKSSQAPFQALLPRLLAHKVIYLHHVRSHTNLPDPISKLNALTDALLITPIL |
| HTL1L_P0C2 | 8,037 | GLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTVDLSSSSPGPPDLSSPPTTLAHLQTIDLK DAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLASILQPIRQAFPQCVILQYMDDILLASPSPEDLQQLSEATMASLISH |

【０３２３】

【表６－５】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| 11_2mutB | | GLPVSQDKTQQTPGTIKFLGQIISPNHITYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQGHTDPRDQIYLNPSQVQSLMQLQQALSQNCRSRLAQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISIQTFNQFIQTSDHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALTPVFTLSPIIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQQAELLGLLHGLSSARSWHCLNIFLDSKYLYHYLRTLAWGTFQQKSSQAPFQALLPRLLAHKVIYLHHVRSHTNLPDPISKLNALTDALLITPIL |
| HTL32_Q0R5R2 | 8,038 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSVTRDLASPSPGPPDLTSLPQGLPHLRTIDLTDAFFQIPLPTIFQPYFAFTLPQPNNYGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFEQQLSHILTPVRKTFPNSLIIQYMDDILLASPAPGELAALTDKVTNALTKEGLPLSPEKTQATPGPIHFLGQVISQDCITYETLPSINVKSTWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIKLTSIQVQALRTIQKALTLNCRSRLVNQLPILALIMLRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAVIILDKYSLQHYGQVCKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQMPQIFQNIDVLRPPFTISPVVINHAPCLFSDGSASKAAFIIWDRQVIHQQVLSLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSQPWVALNIFLDSKFLIGHLRRMALGAFPGPSTQCELHTQLLPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL32_Q0R5R2_2mut | 8,039 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSVTRDLASPSPGPPDLTSLPQGLPHLRTIDLTDAFFQIPLPTIFQPYFAFTLPQPNNYGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILTPVRKTFPNSLIIQYMDDILLASPAPGELAALTDKVTNALTKEGLPLSPEKTQATPGPIHFLGQVISQDCITYETLPSINVKSTWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIKLTSIQVQALRTIQKALTLNCRSRLVNQLPILALIMLRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAVIILDKYSLQHYGQVCKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQMPQIFQNIDVLRPPFTISPVVINHAPCLFSDGSASKAAFIIWDRQVIHQQVLSLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSQPWVALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFPGPSTQCELHTQLLPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL32_Q0R5R2_2mutB | 8,040 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSVTRDLASPSPGPPDLTSPPQGLPHLRTIDLTDAFFQIPLPTIFQPYFAFTLPQPNNYGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILTPVRKTFPNSLIIQYMDDILLASPAPGELAALTDKVTNALTKEGLPLSPEKTQATPGPIHFLGQVISQDCITYETLPSINVKSTWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIKLTSIQVQALRTIQKALTLNCRSRLVNQLPILALIMLRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAVIILDKYSLQHYGQVCKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQMPQIFQNIDVLRPPFTISPVVINHAPCLFSDGSASKAAFIIWDRQVIHQQVLSLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSQPWVALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFPGPSTQCELHTQLLPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL3P_Q4U0X6 | 8,041 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSLTRDLASPSPGPPDLTSLPQDLPHLRTIDLTDAFFQIPLPAVFQPYFAFTLPQPNNHGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFEQQLSHILAPVRKAFPNSLIIQYMDDILLASPALRELTALTDKVTNALTKEGLPMSLEKTQATPGSIHFLGQVISPDCITYETLPSIHVKSIWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIELTSTQVQALKTIQKALALNCRSRLVSQLPILALIILRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAIITLDKYSLQHYGQICKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAILQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQVPQIFQNIDVLRPPFIISPVVIDHAPCLFSDGATSKAAFILWDKQVIHQQVLPLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSKPWPALNIFLDSKFLIGHLRRMALGAFLGPSTQCDLHARLFPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL3P_Q4U0X6_2mut | 8,042 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSLTRDLASPSPGPPDLTSLPQDLPHLRTIDLTDAFFQIPLPAVFQPYFAFTLPQPNNHGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILAPVRKAFPNSLIIQYMDDILLASPALRELTALTDKVTNALTKEGLPMSLEKTQATPGSIHFLGQVISPDCITYETLPSIHVKSIWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIELTSTQVQALKTIQKALALNCRSRLVSQLPILALIILRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAIITLDKYSLQHYGQICKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQVPQIFQNIDVLRPPFIISPVVIDHAPCLFSDGATSKAAFILWDKQVIHQQVLPLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSKPWPALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFLGPSTQCDLHARLFPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL3P_Q4U0X6_2mutB | 8,043 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSLTRDLASPSPGPPDLTSPPQDLPHLRTIDLTDAFFQIPLPAVFQPYFAFTLPQPNNHGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILAPVRKAFPNSLIIQYMDDILLASPALRELTALTDKVTNALTKEGLPMSLEKTQATPGSIHFLGQVISPDCITYETLPSIHVKSIWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIELTSTQVQALKTIQKALALNCRSRLVSQLPILALIILRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAIITLDKYSLQHYGQICKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQVPQIFQNIDVLRPPFIISPVVIDHAPCLFSDGATSKAAFILWDKQVIHQQVLPLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSKPWPALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFLGPSTQCDLHARLFPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTLV2_P03363_2mut | 8,044 | HLPPPPQVDQFPLNLPERLQALNDLVSKALEAGHIEPYSGPGNNPVFPVKKPNGKWRFIHDLRATNAITTTLTSPSPGPPDLTSLPTALPHLQTIDLTDAFFQIPLPKQYQPYFAFTIPQPCNYGPGTRYAWTVLPQGFKNSPTLFQQQLAAVLNPMRKMFPTSTIVQYMDDILLASPTNEELQQLSQLTLQALTTHGLPISQEKTQQTPGQIRFLGQVISPNHITYESTPTIPIKSQWTLTELQVILGEIQWVSKGTPILRKHLQSLYSALHPYRDPRACITLTPQQLHALHAIQQALQHNCRGRLNPALPLLGLISLSTSGTTSVIFQPKQNWPLAWLHTPHPPTSLCPWGHLLACTILTLDKYTLQHYGQLCQSFHHNMSKQALCDFLRNSPHPSVGILIHHMGRFHNLGSQPSGPWKTLLHLPTLLQEPRLLRPIFTLSPVVLDTAPCLFSDGSPQKAAYVLWDQTILQQDITPLPSHETHSAQKGELLALICGLRAAKPWPSLNIFLDSKYLIKYLHSLAIGAFLGTSAHQTLQAALPPLLQGKTIYLHHVRSHTNLPDPISTFNEYTDSLILAPLVPL |
| JSRV_P31623 | 8,045 | PLGTSDSPVTHADPIDWKSEEPVWVDQWPLTQEKLSAAQQLVQEQLRLGHIEPSTSAWNSPIFVIKKKSGKWRLLQDLRKVNETMMHMGALQPGLPTPSAIPDKSYIIVIDLKDCFYTIPLAPQDCKRFAFSLPSVNFKEPMQRYQWRVLPQGMTNSPTLCQKFVATAIAPVRQRFPQLYLVHYMDDILLAHTDEHLLYQAFSILKQHLSLNGLVIADEKIQTHFPYNYLGFSLYPRVYNTQLVKLQTDHLKTLNDFQKLLGDINWIRPYLKLPTYTLQPLFDILKGDSDPASPRTLSLEGRTALQSIEEAIRQQQITYCDYQRSWGLYILPTPRAPTGVLYQDKPLRWIYLSATPTKHLLPYYELVAKIIAKGRHEAIQYFGMEPPFICVPYALEQQDWLFQFSDNWSIAFANYPGQITHHYPSDKLLQFASSHAFIFPKIVRRQPIPEATLIFTDGSSNGTAALIINHQTYYAQTSFSSAQVVELFAVHQALLTVPTSFNLFTDSSYVVGALQMIETVPIIGTTSPEVLNLFTLIQQVLHCRQHPCFFGHIRAHSTLPGALVQGNHTADVLTKQVFFQS |
| JSRV_P31623_2mutB | 8,046 | PLGTSDSPVTHADPIDWKSEEPVWVDQWPLTQEKLSAAQQLVQEQLRLGHIEPSTSAWNSPIFVIKKKSGKWRLLQDLRKVNETMMHMGALQPGLPTPSPIPDKSYIIVIDLKDCFYTIPLAPQDCKRFAFSLPSVNFKEPMQRYQWRVLPQGMTNSPTLCQKFVATAIAPVRQRFPQLYLVHYMDDILLAHTDEHLLYQAFSILKQHLSLNGLVIADEKIQTHFPYNYLGFSLYPRVYNTQLVKLQTDHLKTLNDFQKLLGDINWIRPYLKLPTYTLQPLFDILKGDSDPASPRTLSLEGRTALQSIEEAIRQQQITYCDYQRSWGLYILPTPRAPTGVLYQDKPLRWIYLSATPTKHLLPYYELVAKIIAKGRHEAIQYFGMEPPFICVPYALEQQDWLFQFSDNWSIAFANYPGQITHHYPSDKLLQFASSHAFIFPKIVRRQPIPEATLIFTDGSSNGTAALIINHQTYYAQTSFSSAQVVELFAVHQALLTVPTSFNLFTDSSYVVGALQMIETVPIIGTTSPEVLNLFTLIQQVLHCRQHPCFFGHIRAHSTLPGALVQGNHTADVLTKQVFFQS |
| KORV_Q9TTC1 | 8,047 | TLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTREKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN |

【０３２４】

【表６－６】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| KORV_Q9TTC1_3mut | 8,048 | TLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | 10 |
| KORV_Q9TTC1_3mutA | 8,049 | TLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | 10 |
| KORV_Q9TTC1-Pro | 8,050 | LLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTREKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | 20 |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mut | 8,051 | LLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | 20 |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA | 8,052 | LLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | 20 |
| MLVAV_P03356 | 8,053 | TLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL | 30 |
| MLVAV_P03356_3mut | 8,054 | TLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL | 30 |
| MLVAV_P03356_3mutA | 8,055 | TLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL | 30 |
| MLVBM_Q7SVK7 | 8,056 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY | 40 |

【０３２５】

【表６－７】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7 | 8,057 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | 8,058 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | 8,059 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | 8,060 | LGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPV KKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTL FNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTP RQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLI |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | 8,061 | LGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPV KKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTL FNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTP RQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLI |
| MLVCB_P08361 | 8,062 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVCB_P08361_3mut | 8,063 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT ATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVCB_P08361_3mutA | 8,064 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVF5_P26810 | 8,065 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAFRQAPLIISLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWKDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGLCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFKWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDVGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAAGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNHAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |

【０３２６】

【表６－８】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| MLVF5_P26810_3mut | 8,066 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAFRQAPLIISLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWKDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGTAGLCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFKWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDVGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ<br>HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAAGKKLNVYTDSRYAFAT<br>AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNHAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLL |
| MLVF5_P26810_3mutA | 8,067 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAFRQAPLIISLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWKDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGKAGLCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFKWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDVGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ<br>HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAAGKKLNVYTDSRYAFAT<br>AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNHAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVFF_P26809_3mut | 8,068 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ<br>HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA<br>TAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVFF_P26809_3mutA | 8,069 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ<br>HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA<br>TAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVMS_P03355 | 8,070 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA<br>TAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_reference | 8,137 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ<br>HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT<br>AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSP |
| MLVMS_P03355 | 8,071 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA<br>TAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_P03355_3mut | 8,072 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA<br>TAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_P03355_3mut | 8,073 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA<br>TAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_P03355_3 | 8,074 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT<br>LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT<br>PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |

【０３２７】

【表６－９】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| mutA_WS | | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_P03355_3mutA_WS | 8,075 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_P03355_PLV919 | 8,076 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEF E |
| MLVMS_P03355_PLV919 | 8,077 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEF E |
| MLVRD_P11227 | 8,078 | TLNIEDEYRLHEISTEPDVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQGLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPTSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFASEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRGLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLKTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPRFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYHEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTEPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATA HIHGEIYKRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVRD_P11227_3mut | 8,079 | TLNIEDEYRLHEISTEPDVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQGLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPTSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFASEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRGLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLKTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPRFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYHEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTEPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATA HIHGEIYKRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MMTVB_P03365 | 8,080 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365 | 8,081 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365_2mut | 8,082 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365_2mut_WS | 8,083 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP |

【０３２８】

【表６－１０】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_2 mut_W S | 8,084 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_2 mutB | 8,085 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365_2 mutB | 8,086 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365_2 mutB_ WS | 8,087 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPPAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_2 mutB_ WS | 8,088 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPPAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_W S | 8,089 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_W S | 8,090 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365-Pro | 8,091 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365-Pro | 8,092 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365- | 8,093 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR |

【０３２９】

【表６－１１】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| Pro_2mut | | SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03365-Pro_2mut | 8,094 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03365-Pro_2mutB | 8,095 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03365-Pro_2mutB | 8,096 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MPMV_P07572 | 8,097 | LTAAIDILAPQQCAEPITWKSDEPVWVDQWPLTNDKLAAAQQLVQEQLEAGHITESSSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAIPQGYLKIIIDLKDCFFSIPLHPSDQKRFAFSLPSTNFKEPMQRFQWKVLPQGMANSPTLCQKYVATAIHKVRHAWKQMYIIHYMDDILIAGKDGQ QVLQCFDQLKQELTAAGLHIAPEKVQLQDPYTYLGFELNGPKITNQKAVIRKDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLKLTTGDLKPLFDTLKGDSDPNSHR SLSKEALASLEKVETAIAEQFVTHINYSLPLIFLIFNTALTPTGLFWQDNPIMWIHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDHSKKYFGIEPSTIIQPYSKSQIDW LMQNTEMWPIACASFVGILDNHYPPNKLIQFCKLHTFVFPQIISKTPLNNALLVFTDGSSTGMAAYTLTDTTIKFQTNLNSAQLVELQALIAVLSAFPNQPL NIYTDSAYLAHSIPLLETVAQIKHISETAKLFLQCQQLIYNRSIPFYIGHVRAHSGLPGPIAQGNQRADLATKIVASNINT |
| MPMV_P07572_2mutB | 8,098 | LTAAIDILAPQQCAEPITWKSDEPVWVDQWPLTNDKLAAAQQLVQEQLEAGHITESSSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAPPQGYLKIIIDLKDCFFSIPLHPSDQKRFAFSLPSTNFKEPMQRFQWKVLPQGMANSPTLCQKYVATAIHKVRHAWKQMYIIHYMDDILIAGKDGQ QVLQCFDQLKQELTAAGLHIAPEKVQLQDPYTYLGFELNGPKITNQKAVIRKDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLKLTTGDLKPLFDTLKPDSDPNSHRS LSKEALASLEKVETAIAEQFVTHINYSLPLIFLIFNTALTPTGLFWQDNPIMWIHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDHSKKYFGIEPSTIIQPYSKSQIDWL MQNTEMWPIACASFVGILDNHYPPNKLIQFCKLHTFVFPQIISKTPLNNALLVFTDGSSTGMAAYTLTDTTIKFQTNLNSAQLVELQALIAVLSAFPNQPL NIYTDSAYLAHSIPLLETVAQIKHISETAKLFLQCQQLIYNRSIPFYIGHVRAHSGLPGPIAQGNQRADLATKIVASNINT |
| PERV_Q4VFZ2 | 8,099 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2 | 8,100 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | 8,101 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | 8,102 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | 8,103 | LDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVR KPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIF NEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAK QVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQ LLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI YKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLP |

【０３３０】

【表６－１２】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | 8,104 | LDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLP | 10 |
| SFV1_P23074 | 8,105 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVANANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH | |
| SFV1_P23074_2mut | 8,106 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH | |
| SFV1_P23074_2mutA | 8,107 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH | |
| SFV1_P23074-Pro | 8,108 | VPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH | |
| SFV1_P23074-Pro_2mut | 8,109 | VPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH | |
| SFV1_P23074-Pro_2mutA | 8,110 | VPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGKLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH | |
| SFV3L_P27401 | 8,111 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFTADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATANGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN | |
| SFV3L_P27401_2mut | 8,112 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHP | |

【０３３１】

【表６－１３】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | NVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWK SIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401_2mutA | 8,113 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTT LVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTP VYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV VDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFA RNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKL LTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKH PNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKW KSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401-Pro | 8,114 | IPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQ GVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQ GFLNSPALFTADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATANGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVY TKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEF SMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFN NKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401-Pro_2mut | 8,115 | IPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQ GVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVY TKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEF SMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFN NKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401-Pro_2mutA | 8,116 | IPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQ GVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDL KQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVY TKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEF SMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFN NKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040 | 8,117 | MNPLQLLQPLPAEVKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKQTLIKTIHGEKQQNVYYLTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTI LVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTP VYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTAD AVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDLKQLQSILGLLNF ARNFIPNFAELVQTLYNLIASSKGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLE KLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPSQYEGVFCTDGSA IKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKEPLKHISK WKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040_2mut | 8,118 | MNPLQLLQPLPAEVKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKQTLIKTIHGEKQQNVYYLTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTI LVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTP VYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNAD AVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDLKQLQSILGLLNF ARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLE KLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPSQYEGVFCTDGSA IKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKEPLKHISK WKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040_2mutA | 8,119 | MNPLQLLQPLPAEVKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKQTLIKTIHGEKQQNVYYLTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTI LVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTP VYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNAD AVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDLKQLQSILGLLNF ARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLE KLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPSQYEGVFCTDGSA IKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKEPLKHISK WKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040-Pro | 8,120 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFTADAVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQTLYNLIASSKGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPS QYEGVFCTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKEPLKHISKWKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mut | 8,121 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADAVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPS |

【０３３２】

【表６－１４】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | QYEGVFCTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKEPLKHISKWKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mutA | 8,122 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADAVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDL KQLQSILGKLNFARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPS QYEGVFCTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKEPLKHISKWKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SMRVH_P03364 | 8,123 | PRSRAIDIPVPHADKISWKITDPVWVDQWPLTYEKTLAAIALVQEQLAAGHIEPTNSPWNTPIFIIKKKSGSWRLLQDLRAVNKVMVPMGALQPGLPSPV AIPLNYHKIVIDLKDCFFTIPLHPEDRPYFAFSVPQINFQSPMPRYQWKVLPQGMANSPTLCQKFVAAAIAPVRSQWPEAYILHYMDDILLACDSAEAAK ACYAHIISCLTSYGLKIAPDKVQVSEPFSYLGFELHHQQVFTPRVCLKTDHLKTLNDFQKLLGDIQWLRPYLKLPTSALVPLNNILKGDPNPLSVRALTPE AKQSLALINKAIQNQSVQQISYNLPLVLLLLPTPHTPTAVFWQPNGTDPTKNGSPLLWLHLPASPSKVLLTYPSLLAMLIIKGRYTGRQLFGRDPHSIIIPY TQDQLTWLLQTSDEWAIALSSFTGDIDNHYPSDPVIQFAKLHQFIFPKITKCAPIPQATLVFTDGSSNGIAAYVIDNQPISIKSPYLSAQLVELYAILQVFTV LAHQPFNLYTDSAYIAQSVPLLETVPFIKSSTNATPLFSKLQQLILNRQHPFFIGHLRAHLNLPGPLAEGNALADAATQIFPIISD |
| SMRVH_P03364_2mut | 8,124 | PRSRAIDIPVPHADKISWKITDPVWVDQWPLTYEKTLAAIALVQEQLAAGHIEPTNSPWNTPIFIIKKKSGSWRLLQDLRAVNKVMVPMGALQPGLPSPV AIPLNYHKIVIDLKDCFFTIPLHPEDRPYFAFSVPQINFQSPMPRYQWKVLPQGMANSPTLCQKFVAAAIAPVRSQWPEAYILHYMDDILLACDSAEAAK ACYAHIISCLTSYGLKIAPDKVQVSEPFSYLGFELHHQQVFTPRVCLKTDHLKTLNDFQKLLGDIQWLRPYLKLPTSALVPLNNILKPDPNPLSVRALTPE AKQSLALINKAIQNQSVQQISYNLPLVLLLLPTPHTPTAVFWQPNGTDPTKNGSPLLWLHLPASPSKVLLTYPSLLAMLIIKGRYTGRQLFGRDPHSIIIPY TQDQLTWLLQTSDEWAIALSSFTGDIDNHYPSDPVIQFAKLHQFIFPKITKCAPIPQATLVFTDGSSNGIAAYVIDNQPISIKSPYLSAQLVELYAILQVFTV LAHQPFNLYTDSAYIAQSVPLLETVPFIKSSTNATPLFSKLQQLILNRQHPFFIGHLRAHLNLPGPLAEGNALADAATQIFPIISD |
| SMRVH_P03364_2mutB | 8,125 | PRSRAIDIPVPHADKISWKITDPVWVDQWPLTYEKTLAAIALVQEQLAAGHIEPTNSPWNTPIFIIKKKSGSWRLLQDLRAVNKVMVPMGALQPGLPSPV APPLNYHKIVIDLKDCFFTIPLHPEDRPYFAFSVPQINFQSPMPRYQWKVLPQGMANSPTLCQKFVAAAIAPVRSQWPEAYILHYMDDILLACDSAEAAK ACYAHIISCLTSYGLKIAPDKVQVSEPFSYLGFELHHQQVFTPRVCLKTDHLKTLNDFQKLLGDIQWLRPYLKLPTSALVPLNNILKPDPNPLSVRALTPE AKQSLALINKAIQNQSVQQISYNLPLVLLLLPTPHTPTAVFWQPNGTDPTKNGSPLLWLHLPASPSKVLLTYPSLLAMLIIKGRYTGRQLFGRDPHSIIIPY TQDQLTWLLQTSDEWAIALSSFTGDIDNHYPSDPVIQFAKLHQFIFPKITKCAPIPQATLVFTDGSSNGIAAYVIDNQPISIKSPYLSAQLVELYAILQVFTV LAHQPFNLYTDSAYIAQSVPLLETVPFIKSSTNATPLFSKLQQLILNRQHPFFIGHLRAHLNLPGPLAEGNALADAATQIFPIISD |
| SRV2_P51517 | 8,126 | LATAVDILAPQRYADPITWKSDEPVWVDQWPLTQEKLAAAQQLVQEQLQAGHIIESNSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAIPQGYFKIVIDLKDCFFTIPLQPVDQKRFAFSLPSTNFKQPMKRYQWKVLPQGMANSPTLCQKYVAAAIEPVRKSWAQMYIIHYMDDILIAGKLGE QVLQCFAQLKQALTTTGLQIAPEKVQLQDPYTYLGFQINGPKITNQKAVIRRDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLHLTTGDLKPLFDILKGDSNPNSPRS LSEAALASLQKVETAIAEQFVTQIDYTQPLTFLIFNTTLTPTGLFWQNNPVMWVHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDNSKKYFGLEPSTIIQPYSKSQIH WLMQNTETWPIACASYAGNIDNHYPPNKLIQFCKLHAVVFPRIISKTPLDNALLVFTDGSSTGIAAYTFEKTTVRFKTSHTSAQLVELQALIAVLSAFPHR ALNVYTDSAYLAHSIPLLETVSHIKHISDTAKFFLQCQQLIYNRSIPFYLGHIRAHSGLPGPLSQGNHITDLATKVVATTLTT |
| SRV2_P51517_2mutB | 8,127 | LATAVDILAPQRYADPITWKSDEPVWVDQWPLTQEKLAAAQQLVQEQLQAGHIIESNSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAPPQGYFKIVIDLKDCFFTIPLQPVDQKRFAFSLPSTNFKQPMKRYQWKVLPQGMANSPTLCQKYVAAAIEPVRKSWAQMYIIHYMDDILIAGKLGE QVLQCFAQLKQALTTTGLQIAPEKVQLQDPYTYLGFQINGPKITNQKAVIRRDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLHLTTGDLKPLFDILKGDSNPNSPRS LSEAALASLQKVETAIAEQFVTQIDYTQPLTFLIFNTTLTPTGLFWQNNPVMWVHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDNSKKYFGLEPSTIIQPYSKSQIH WLMQNTETWPIACASYAGNIDNHYPPNKLIQFCKLHAVVFPRIISKTPLDNALLVFTDGSSTGIAAYTFEKTTVRFKTSHTSAQLVELQALIAVLSAFPHR ALNVYTDSAYLAHSIPLLETVSHIKHISDTAKFFLQCQQLIYNRSIPFYLGHIRAHSGLPGPLSQGNHITDLATKVVATTLTT |
| WDSV_O92815 | 8,128 | SCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHD LRAINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFSQALYQSLHKIKFKISSEICIYMD DVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIRQIRAFLGLVGYCRHWIPEFSIHSKFL EKQLKKDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQA DSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSD GSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQ IMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQR |
| WDSV_O92815_2mut | 8,129 | SCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHD LRAINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIKFKISSEICIYMD DVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIRQIRAFLGLVGYCRHWIPEFSIHSKFL EKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQA DSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSD GSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQ IMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQR |
| WDSV_O92815_2mutA | 8,130 | SCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHD LRAINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIKFKISSEICIYMD DVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIRQIRAFLGKVGYCRHFIPEFSIHSKFL EKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQA DSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSD GSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQ IMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQR |
| WMSV_P03359 | 8,131 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFDEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKESIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHI HGAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKP |

【０３３３】

【表６－１５】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| WMSV_P03359_3mut | 8,132 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHI HGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKP |
| WMSV_P03359_3mutA | 8,133 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPP TTPRQVREFLGKAGFCRLWIPGFAELAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHI HGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKP |
| XMRV6_A1Z651 | 8,134 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPK TPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHVHGEIYRRRGLLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL |
| XMRV6_A1Z651_3mut | 8,135 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPK TPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPV AYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKE APHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAF ATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL |
| XMRV6_A1Z651_3mutA | 8,136 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPK TPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL |

【０３３４】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、部位特異的突然変異によって修飾される。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、改善された特性を有するように改変され、例えば、ＭＭＬＶ　ＲＴ由来のＳｕｐｅｒＳｃｒｉｐｔ　ＩＶ（ＳＳＩＶ）逆転写酵素が挙げられる。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、参照により本明細書に組み込まれる、国際公開第２００１０６８８９５号パンフレットに記載のように、より低いエラー率を有するように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、熱安定性が高まるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、加工性が高まるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、阻害剤に対する耐性を有するように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、より高速であるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、ＲＮＡ鋳型における修飾ヌクレオチドに対する耐性が高まるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、修飾ＤＮＡヌクレオチドを挿入するように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、鋳型ＲＮＡに結合するように改変される。一部の実施形態では、１つ又は複数の突然変異は、マウス白血病ウイルス逆転写酵素のＲＴドメイン内のＤ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｗ３１３Ｆ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｌ６７１Ｐ、Ｅ６９Ｋ、Ｈ８Ｙ、Ｔ３０６Ｋ若しくはＤ６５３Ｎ、又は別のＲＴドメインの対応する位置での対応する突然変異から選択される。

【０３３５】

一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、表６に列挙される）は、以下の表２に列挙される１つ又は複数の突然変異を含む。一部の実施形態では、表６に列挙されるＲＴドメインは、以下の表２の対応する行に列挙される突然変異の１、２、３、４、５、又は６つを含む。

【０３３６】

【表２－１】

**表2. 例示的なRTドメイン突然変異 (表6の対応する行に列記される対応する野生型配列と比べた)**

| RTドメイン名 | 突然変異 | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| AVIRE_P03360 | | | | | | |
| AVIRE_P03360_3mut | D200N | G330P | L605W | | | |
| AVIRE_P03360_3mutA | D200N | G330P | L605W | T306K | W313F | |
| BAEVM_P10272 | | | | | | |
| BAEVM_P10272_3mut | D198N | E328P | L602W | | | |
| BAEVM_P10272_3mutA | D198N | E328P | L602W | T304K | W311F | |
| BLVAU_P25059 | | | | | | |
| BLVAU_P25059_2mut | E159Q | G286P | | | | |
| BLVJ_P03361 | | | | | | |
| BLVJ_P03361_2mut | E159Q | L524W | | | | |
| BLVJ_P03361_2mutB | E159Q | L524W | I97P | | | |
| FFV_O93209 | D21N | | | | | |
| FFV_O93209_2mut | D21N | T293N | T419P | | | |
| FFV_O93209_2mutA | D21N | T293N | T419P | L393K | | |
| FFV_O93209-Pro | | | | | | |
| FFV_O93209-Pro_2mut | T207N | T333P | | | | |
| FFV_O93209-Pro_2mutA | T207N | T333P | L307K | | | |
| FLV_P10273 | | | | | | |
| FLV_P10273_3mut | D199N | L602W | | | | |
| FLV_P10273_3mutA | D199N | L602W | T305K | W312F | | |
| FOAMV_P14350 | D24N | | | | | |
| FOAMV_P14350_2mut | D24N | T296N | S420P | | | |
| FOAMV_P14350_2mutA | D24N | T296N | S420P | L396K | | |
| FOAMV_P14350-Pro | | | | | | |
| FOAMV_P14350-Pro_2mut | T207N | S331P | | | | |
| FOAMV_P14350-Pro_2mutA | T207N | S331P | L307K | | | |
| GALV_P21414 | | | | | | |
| GALV_P21414_3mut | D198N | E328P | L600W | | | |
| GALV_P21414_3mutA | D198N | E328P | L600W | T304K | W311F | |

【０３３７】

【表２－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| HTL1A_P03362 | | | | | | |
| HTL1A_P03362_2mut | E152Q | R279P | | | | |
| HTL1A_P03362_2mutB | E152Q | R279P | L90P | | | |
| HTL1C_P14078 | | | | | | |
| HTL1C_P14078_2mut | E152Q | R279P | | | | |
| HTL1L_P0C211 | | | | | | |
| HTL1L_P0C211_2mut | E149Q | L527W | | | | |
| HTL1L_P0C211_2mutB | E149Q | L527W | L87P | | | |
| HTL32_Q0R5R2 | | | | | | |
| HTL32_Q0R5R2_2mut | E149Q | L526W | | | | |
| HTL32_Q0R5R2_2mutB | E149Q | L526W | L87P | | | |
| HTL3P_Q4U0X6 | | | | | | |
| HTL3P_Q4U0X6_2mut | E149Q | L526W | | | | |
| HTL3P_Q4U0X6_2mutB | E149Q | L526W | L87P | | | |
| HTLV2_P03363_2mut | E147Q | G274P | | | | |
| JSRV_P31623 | | | | | | |
| JSRV_P31623_2mutB | A100P | | | | | |
| KORV_Q9TTC1 | D32N | | | | | |
| KORV_Q9TTC1_3mut | D32N | D322N | E452P | L724W | | |
| KORV_Q9TTC1_3mutA | D32N | D322N | E452P | L724W | T428K | W435F |
| KORV_Q9TTC1-Pro | | | | | | |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mut | D231N | E361P | L633W | | | |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA | D231N | E361P | L633W | T337K | W344F | |
| MLVAV_P03356 | | | | | | |
| MLVAV_P03356_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVAV_P03356_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVBM_Q7SVK7 | | | | | | |
| MLVBM_Q7SVK7 | | | | | | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | D199N | T329P | L602W | T305K | W312F | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | D199N | T329P | L602W | T305K | W312F | |
| MLVCB_P08361 | | | | | | |
| MLVCB_P08361_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVCB_P08361_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVF5_P26810 | | | | | | |
| MLVF5_P26810_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVF5_P26810_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVFF_P26809_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |

【０３３８】

【表２－３】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| MLVFF_P26809_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVMS_P03355 | | | | | | |
| MLVMS_P03355 | | | | | | |
| MLVMS_P03355_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVMS_P03355_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVMS_P03355_3mutA_WS | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVMS_P03355_3mutA_WS | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVMS_P03355_PLV919 | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | H8Y |
| MLVMS_P03355_PLV919 | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | H8Y |
| MLVRD_P11227 | | | | | | |
| MLVRD_P11227_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MMTVB_P03365 | D26N | | | | | |
| MMTVB_P03365 | D26N | | | | | |
| MMTVB_P03365_2mut | D26N | G401P | | | | |
| MMTVB_P03365_2mut_WS | G400P | | | | | |
| MMTVB_P03365_2mut_WS | G400P | | | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB | D26N | G401P | V215P | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB | D26N | G401P | V215P | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB_WS | G400P | V212P | | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB_WS | G400P | V212P | | | | |
| MMTVB_P03365_WS | | | | | | |
| MMTVB_P03365_WS | | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro | | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro | | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mut | G309P | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mut | G309P | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mutB | G309P | V123P | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mutB | G309P | V123P | | | | |
| MPMV_P07572 | | | | | | |
| MPMV_P07572_2mutB | G289P | I103P | | | | |
| PERV_Q4VFZ2 | | | | | | |
| PERV_Q4VFZ2 | | | | | | |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | D199N | E329P | L602W | | | |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | D199N | E329P | L602W | | | |
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | D196N | E326P | L599W | T302K | W309F | |
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | D196N | E326P | L599W | T302K | W309F | |
| SFV1_P23074 | D24N | | | | | |
| SFV1_P23074_2mut | D24N | T296N | N420P | | | |
| SFV1_P23074_2mutA | D24N | T296N | N420P | L396K | | |

【０３３９】

【表２－４】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| SFV1_P23074-Pro | | | | | | |
| SFV1_P23074-Pro_2mut | T207N | N331P | | | | |
| SFV1_P23074-Pro_2mutA | T207N | N331P | L307K | | | |
| SFV3L_P27401 | D24N | | | | | |
| SFV3L_P27401_2mut | D24N | T296N | N422P | | | |
| SFV3L_P27401_2mutA | D24N | T296N | N422P | L396K | | |
| SFV3L_P27401-Pro | | | | | | |
| SFV3L_P27401-Pro_2mut | T307N | N333P | | | | |
| SFV3L_P27401-Pro_2mutA | T307N | N333P | L307K | | | |
| SFVCP_Q87040 | D24N | | | | | |
| SFVCP_Q87040_2mut | D24N | T296N | K422P | | | |
| SFVCP_Q87040_2mutA | D24N | T296N | K422P | L396K | | |
| SFVCP_Q87040-Pro | | | | | | |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mut | T207N | K333P | | | | |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mutA | T207N | K333P | L307K | | | |
| SMRVH_P03364 | | | | | | |
| SMRVH_P03364_2mut | G288P | | | | | |
| SMRVH_P03364_2mutB | G288P | I102P | | | | |
| SRV2_P51517 | | | | | | |
| SRV2_P51517_2mutB | I103P | | | | | |
| WDSV_O92815 | | | | | | |
| WDSV_O92815_2mut | S183N | K312P | | | | |
| WDSV_O92815_2mutA | S183N | K312P | L288K | W295F | | |
| WMSV_P03359 | | | | | | |
| WMSV_P03359_3mut | D198N | E328P | L600W | | | |
| WMSV_P03359_3mutA | D198N | E328P | L600W | T304K | W311F | |
| XMRV6_A1Z651 | | | | | | |
| XMRV6_A1Z651_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| XMRV6_A1Z651_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |

【０３４０】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、レトロウイルス逆転写酵素からのＲＴドメイン、例として、例えば、以下の配列を含む野生型Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴを含む。

Ｍ－ＭＬＶ（ＷＴ）：

【化１】
TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVP
NPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKN
SPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKA
QICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAA
PLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLG
PWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPD
RWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP
LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGK
KLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGH
SAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLI ( 配列番号 : 5002)

【０３４１】
一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、レトロウイルス逆転写酵素からのＲＴドメイン、例として、例えば、以下の配列を含むＭ－ＭＬＶ　ＲＴを含む。
【化２】
TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVP
NPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKN
SPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKA
QICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAA
PLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLG
PWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPD
RWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP
LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGK
KLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGH
SAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLL ( 配列番号 : 5003)

【０３４２】
一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸６５９～１３２９の配列を含むレトロウイルス逆転写酵素からのＲＴドメインを含む。複数の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、以下に示される、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸６５９～１３２９の配列のＮ末端に、１つの更なるアミノ酸を更に含む。

【化３】

TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP**VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPT**
**VPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLP**
**QGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNL**
**GYRASAKKAQICQKQVKYLGY**LLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRL
WIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGY
AKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPH
AVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE
AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELI
ALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKR
LSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAA ( 配列番号 : 5004)

コアＲＴ（太字）、上記の注釈
ＲＮＡｓｅＨ（下線部）、上記の注釈

【０３４３】

実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸６５９～１３２９の配列のＣ末端に、１つの更なるアミノ酸を更に含む。複数の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＲＮａｓｅＨ１ドメイン（例えば、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸１１７８～１３１８）を含む。

【０３４４】

一部の実施形態では、レトロウイルス逆転写酵素ドメイン、例えば、Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴは、ＲＴの特徴、例えば、熱安定性、処理能力、及び／又は鋳型結合を改善し得る、野生型配列からの１つ又は複数の突然変異を含み得る。一部の実施形態では、Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴドメインは、上のＭ－ＭＬＶ（ＷＴ）配列に対して、例えば、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｔ３０６Ｋ、Ｗ３１３Ｆ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｄ６５３Ｎ、Ｒ１１０Ｓ、Ｋ１０３Ｌから選択される１つ又は複数の突然変異、例えば、任意選択でＴ３０６Ｋ及びＷ３１３Ｆを更に含む、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、及びＴ３３０Ｐなどの突然変異の組合せを含む。一部の実施形態では、本明細書で用いられるＭ－ＭＬＶ　ＲＴは、突然変異Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｔ３０６Ｋ及びＷ３１３Ｆを含む。複数の実施形態では、突然変異体Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴは、以下のアミノ酸配列を含む。

Ｍ－ＭＬＶ（ＰＥ２）：

【化４】

TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVP
NPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKN
SPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKA
QICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAP
LYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGP
WRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDR
WLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL
PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKK
LNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHS
AEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLI ( 配列番号 : 5005)

【０３４５】

一部の実施形態では、ライティングドメイン（例えば、ＲＴドメイン）は、例えば、ＲＮＡ配列に特異的に結合するＲＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、ライティングドメインのＲＮＡ結合ドメインによって特異的に結合されるＲＮＡ配列を含む。

【０３４６】

一部の実施形態では、逆転写ドメインは、単に、システムの特定の鋳型、例えば、鋳型ＲＮＡを認識し、逆転写する。一部の実施形態では、鋳型は、逆転写ドメインによって認識及び逆転写を可能にする配列又は構造を含む。一部の実施形態では、鋳型は、本明細書に記載されるゲノム改変システムのポリペプチド成分のＲＮＡ結合ドメインとの会合を可能にする配列又は構造を含む。一部の実施形態では、ゲノム改変システムは、会合配列を欠く鋳型より、会合配列を含む鋳型を好ましくは逆転写する。

【０３４７】

ライティングドメインは、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性も含み得、例えば、ＤＮＡを鋳型ＤＮＡ配列からのゲノムにライティングする能力がある酵素活性を含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合が、標的部位編集の第２の鎖合成を完了するのに用いられる。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ポリペプチド中のＤＮＡポリメラーゼドメインによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合、例えば、第２の鎖合成も可能である逆転写酵素ドメインによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、システムの第２のポリペプチドによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、任意選択で、ゲノム改変システムの成分により、標的部位に動員される内因性宿主細胞ポリメラーゼによって提供される。

【０３４８】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、インビトロで、参照逆転写酵素ドメインと比較してより低い確率で不十分な終結率（Ｐｏｆｆ）を有する。一部の実施形態では、参照逆転写酵素ドメインは、ウイルス逆転写酵素ドメイン、例えば、Ｍ－ＭＬＶからのＲＴドメインである。

【０３４９】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、１０９４ｎｔのＲＮＡでの測定によると、インビトロで、約５×１０$^{-3}$／ｎｔ、５×１０$^{-4}$／ｎｔ、又は５×１０$^{-6}$／ｎｔ未満の、より低い確率での不十分な終結率（Ｐｏｆｆ）を有する。複数の実施形態では、インビトロでの不十分な終結率は、Ｂｉｂｉｌｌｏ ａｎｄ Ｅｉｃｋｂｕｓｈ（２００２）Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ ２７７（３８）：３４８３６－３４８４５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように決定される。

【０３５０】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、細胞における組み込みの少なくとも約３０％又は５０％を完了することができる。完全な組み込みのパーセントは、実質的に完全長の組み込み事象（例えば、予想された組み込み配列の少なくとも９８％を含むゲノム部位）の数をｂｙ細胞集団内の（実質的に完全長及び部分を含む）全体の組み込み事象の数で除することによって測定され得る。複数の実施形態では、細胞における組み込みは、例えば、Ｋａｒｓｔ ｅｔ ａｌ．（２０２０）ｂｉｏＲｘｉｖ ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ロングリードアンプリコン配列決定を用いて（例えば、組み込み部位を通じて）決定される。

【０３５１】

複数の実施形態では、細胞における組み込みの定量化は、鋳型ＲＮＡ（例えば、少なくとも０．０５、０．１、０．５、０．６、０．７、０．８、０．９、１、１．５、２、３、４若しくは５ｋｂの長さ、例えば、０．５～０．６、０．６～０．７、０．７～０．８、０．８～０．９、１．０～１．２、１．２～１．４、１．４～１．６、１．６～１．８、１．８～２．０、２～３、３～４若しくは４～５ｋｂの長さを有する鋳型ＲＮＡ）に対

応するＤＮＡ配列の少なくとも約７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％を含む組み込みの割合を計数することを含む。

【０３５２】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、インビトロでｄＮＴＰを重合可能である。複数の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、０．１～５０ｎｔ／秒（例えば、０．１～１、１～１０若しくは１０～５０ｎｔ／秒）の速度で、インビトロでｄＮＴＰを重合可能である。複数の実施形態では、逆転写酵素ドメインによるｄＮＴＰの重合は、例えば、Ｓｃｈｗａｒｔｚ ａｎｄ Ｑｕａｋｅ（２００９）ＰＮＡＳ １０６（４８）：２０２９４－２０２９９（その全体が参照により組み込まれる）に記載のように、単一分子アッセイによって測定される。

【０３５３】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、Ｙａｓｕｋａｗａ ｅｔ ａｌ．（２０１７）Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｂｉｏｐｈｙｓ Ｒｅｓ Ｃｏｍｍｕｎ ４９２（２）：１４７－１５３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、$1\times10^{-3}$～$1\times10^{-4}$又は$1\times10^{-4}$～$1\times10^{-5}$個の置換／ｎｔのインビトロエラー率（例えば、ヌクレオチドの誤取り込み）を有する。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、Ｋａｒｓｔ ｅｔ ａｌ．（２０２０）ｂｉｏＲｘｉｖ ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、ロングリードアンプリコン配列決定により、細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）内で$1\times10^{-3}$～$1\times10^{-4}$又は$1\times10^{-4}$～$1\times10^{-5}$個の置換／ｎｔのエラー率（例えば、ヌクレオチドの誤取り込み）を有する。

【０３５４】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、インビトロで標的ＲＮＡの逆転写を実施することが可能である。一部の実施形態では、逆転写酵素は、鋳型の逆転写を開始するため、少なくとも３ヌクレオチドのプライマーを必要とする。一部の実施形態では、標的ＲＮＡの逆転写は、例えば、Ｂｉｂｉｌｌｏ ａｎｄ Ｅｉｃｋｂｕｓｈ（２００２）Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ ２７７（３８）：３４８３６－３４８４５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、（例として、例えば、３’末端に少なくとも３、４、５、６、７、８、９若しくは１０ｎｔを有する標的にアニールする、ｓｓＤＮＡプライマーが提供されるとき）標的ＲＮＡからのｃＤＮＡの検出によって判定される。

【０３５５】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、そのＲＮＡ鋳型をｃＤＮＡに変換する場合、逆転写を、例えば、タンパク質結合モチーフ（例えば、３’ＵＴＲ）が欠如したＲＮＡ鋳型と比較して、（例えば、ｃＤＮＡ生成により）少なくとも５倍又は１０倍より効率的に実施する。複数の実施形態では、逆転写の効率は、Ｙａｓｕｋａｗａ ｅｔ ａｌ．（２０１７）Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｂｉｏｐｈｙｓ Ｒｅｓ Ｃｏｍｍｕｎ ４９２（２）：１４７－１５３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように測定される。

【０３５６】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）内で発現されるとき、任意の内因性細胞ＲＮＡより高い頻度（例えば、約５倍又は１０倍高い頻度）で、特定のＲＮＡ鋳型に特異的に結合する。複数の実施形態では、逆転写酵素ドメインと鋳型ＲＮＡとの間の特異的結合の頻度は、例えば、Ｌｉｎ ａｎｄ Ｍｉｌｅｓ（２０１９）Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４７（１１）：５４９０－５５０１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＣＬＩＰ－ｓｅｑによって測定される。

【０３５７】

鋳型核酸結合ドメイン

遺伝子組換えポリペプチドは、典型的に、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）と会合することが可能な領域を有する。一部の実施形態では、鋳型核酸結合ドメインは、ＲＮＡ結合

ドメインである。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、特定のシグネチャー、例えば構造モチーフを含むＲＮＡ分子と会合し得るモジュラードメインである。他の実施形態では、鋳型核酸結合ドメイン（例えば、ＲＮＡ結合ドメイン）は、逆転写ドメイン内に含まれ、例えば、逆転写酵素由来の成分は、ＲＮＡの優先性についての既知のシグネチャーを有する。

【０３５８】

他の実施形態では、鋳型核酸結合ドメイン（例えば、ＲＮＡ結合ドメイン）は、標的ＤＮＡ結合ドメイン内に含まれる。例えば、一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の構造を認識するＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメインが標的ゲノムＤＮＡ配列に結合することを可能にする、ｇＲＮＡスカフォールドと会合するＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質を含むＤＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスカフォールド及びｇＲＮＡスペーサーは、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）内部に含まれることで、ＤＮＡ結合ドメインは、鋳型核酸結合ドメインでもある。一部の実施形態では、ポリペプチドは、複数のドメイン内にＲＮＡ結合機能を有し、例えば、ＣＲＩＳＰＲ関連ＤＮＡ結合ドメイン内のｇＲＮＡ構造及び逆転写酵素ドメイン内の追加の配列又は構造に結合し得る。

【０３５９】

一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、標準ＲＮＡ結合ドメインよりも高い親和性で、鋳型ＲＮＡに結合することができる。一部の実施形態では、標準ＲＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）のＣａｓ９由来のＲＮＡ結合ドメインである。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、１００ｐＭ～１０ｎＭ（例えば、１００ｐＭ～１ｎＭ又は１ｎＭ～１０ｎＭ）の親和性で、鋳型ＲＮＡに結合することができる。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインの、その鋳型ＲＮＡに対する親和性は、例えば、Ａｓｍａｒｉ ｅｔ ａｌ．Ｍｅｔｈｏｄｓ １４６：１０７－１１９（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、熱泳動によりインビトロで測定される。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインの、その鋳型ＲＮＡに対する親和性は、細胞中で（例えば、ＦＲＥＴ又はＣＬＩＰ－Ｓｅｑにより）測定される。

【０３６０】

一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、鋳型ＲＮＡと、インビトロでスクランブルＲＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインと鋳型ＲＮＡ又はスクランブルＲＮＡとの間の会合の頻度は、例えば、Ｌｉｎ ａｎｄ Ｍｉｌｅｓ（２０１９）Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４７（１１）：５４９０－５５０１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＣＬＩＰ－ｓｅｑによって測定される。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、細胞内（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内）の鋳型ＲＮＡと、スクランブルＲＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインと鋳型ＲＮＡ又はスクランブルＲＮＡとの間の会合の頻度は、例えば、Ｌｉｎ ａｎｄ Ｍｉｌｅｓ（２０１９）（前掲）に記載のように、ＣＬＩＰ－ｓｅｑによって測定される。

【０３６１】

エンドヌクレアーゼドメイン及びＤＮＡ結合ドメイン

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、エンドヌクレアーゼドメインを介したＤＮＡ標的部位切断の機能を有する。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、標的核酸に結合するためのＤＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン）は、２つ以上のより小さいドメイン、例えば、ＤＮＡ結合ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメインを含む。ＤＮＡ結合ドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン）が、標的核酸配列に結合すると記載される場合、一部の実施形態では、結合は、ｇＲＮＡによって媒介されることが理解される

。
【０３６２】
一部の実施形態では、ドメインは、２つの機能を有する。例えば、一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＤＮＡ結合ドメインでもある。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）結合ドメインでもある。例えば、一部の実施形態では、ポリペプチドは、ｇＲＮＡを含む鋳型ＲＮＡに結合し、標的ＤＮＡ配列（例えば、ｇＲＮＡの一部に対する相補性を有する）に結合し、且つ標的ＤＮＡ配列を切断する、ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインを含む。一部の実施形態では、異種の源に由来するエンドヌクレアーゼドメイン又はエンドヌクレアーゼ／ＤＮＡ結合ドメインは、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムにおいて、使用され得るか又は（例えば、１つ又は複数の残基の挿入、欠失又は置換によって）修飾され得る。
【０３６３】
一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はエンドヌクレアーゼ／ＤＮＡ結合ドメインをコードする核酸は、例えばヒト細胞について改善された、改変されたコドン使用を有するように、その天然配列から改変される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼエレメントは、異種エンドヌクレアーゼエレメント、例えば、Ｃａｓエンドヌクレアーゼ（例えば、Ｃａｓ９）、ＩＩ型制限エンドヌクレアーゼ（例えば、Ｆｏｋ１）、メガヌクレアーゼ（例えば、Ｉ－ＳｃｅＩ）、又は他のエンドヌクレアーゼドメインである。
【０３６４】
特定の態様では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインは、所望の宿主ＤＮＡ標的配列への結合のため、選択、設計、又は構築される。特定の実施形態では、ポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインは、異種ＤＮＡ結合因子である。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、ジンクフィンガー因子又はＴＡＬエフェクター因子、例えば、ジンクフィンガー又はＴＡＬポリペプチド又はその機能的フラグメントである。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、エンドヌクレアーゼ活性を有しないように改変されている、Ｃａｓ９、Ｃｐｆ１、又は他のＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質などの配列誘導性のＤＮＡ結合因子である。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、エンドヌクレアーゼ活性を保持する。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、ｓｓＤＮＡを切断するような部分的なエンドヌクレアーゼ活性を保持し、例えば、ニッカーゼ活性を有する。特定の実施形態では、異種ＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ９、ＴＡＬドメイン、ＺＦドメイン、Ｍｙｂドメイン、それらの組合せ、又はそれらの複合体のいずれか１つ又は複数であり得る。
【０３６５】
一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、例えば、部位特異的突然変異によって修飾されることで、ＤＮＡ結合因子（例えば、ジンクフィンガーの数及び／又は特異性）などを増加又は減少させ、ＤＮＡ－結合特異性及び親和性を改変する。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインをコードする核酸配列は、例えばヒト細胞について改善された、改変されたコドン使用を有するように、その天然配列から改変される。複数の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、野生型ＤＮＡ結合ドメインに対して１つ又は複数の修飾、例えば、指向性進化、例えば、ファージ支援連続進化（ＰＡＣＥ）による修飾を含む。
【０３６６】
一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、メガヌクレアーゼドメイン（例えば、エンドヌクレアーゼドメイン部分における、例えば、本明細書に記載されるもの）、又はその機能的フラグメントを含む。一部の実施形態では、メガヌクレアーゼドメインは、エンドヌクレアーゼ活性、例えば、二本鎖切断及び／又はニッカーゼ活性を有する。他の実施形態では、メガヌクレアーゼドメインは、低下した活性を有し、例えば、エンドヌクレアーゼ活性が欠失しており、例えば、メガヌクレアーゼは、触媒的に不活性である。一部の実施形態では、触媒的に不活性なメガヌクレアーゼは、例えば、Ｆｏｎｆａｒａ　ｅｔ

ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４０（２）：８４７－８６０（２０１２）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＤＮＡ結合ドメインとして使用される。

【０３６７】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、野生型ポリペプチドと比べて、ＤＮＡ結合ドメインに対する修飾を含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、元のＤＮＡ結合ドメインのアミノ酸配列に対する付加、欠失、置換、又は修飾を含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合する異種機能ドメインを含むように修飾される。一部の実施形態では、機能ドメインは、ポリペプチドの先のＤＮＡ結合ドメインの少なくとも一部（例えば、その全体）で置換する。一部の実施形態では、機能ドメインは、ジンクフィンガー（例えば、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合するジンクフィンガーを含む。一部の実施形態では、機能ドメインは、Ｃａｓドメイン（例えば、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合するＣａｓドメインを含む。一部の実施形態では、Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９又はその突然変異体若しくは変異体（例えば、本明細書に記載される）を含む。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、例えば、本明細書に記載されるように、ガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）と会合する。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、ｇＲＮＡにより、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に導かれる。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、ｇＲＮＡと同じ核酸（例えば、ＲＮＡ）分子においてコードされる。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、ｇＲＮＡと異なる核酸（例えば、ＲＮＡ）分子においてコードされる。

【０３６８】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、標準ＤＮＡ結合ドメインよりも高い親和性で、標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に結合することができる。一部の実施形態では、標準ＤＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）のＣａｓ９由来のＤＮＡ結合ドメインである。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、１００ｐＭ～１０ｎＭ（例えば、１００ｐＭ～１ｎＭ又は１ｎＭ～１０ｎＭ）の親和性で、標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に結合することができる。

【０３６９】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインの、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に対する親和性は、例えば、Ａｓｍａｒｉ ｅｔ ａｌ．Ｍｅｔｈｏｄｓ １４６：１０７－１１９（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、熱泳動によりインビトロで測定される。

【０３７０】

実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、モル過剰の、例えば、約１００倍モル過剰のスクランブル配列競合ｄｓＤＮＡの存在下で、例えば、１００ｐＭ～１０ｎＭ（例えば、１００ｐＭ～１ｎＭ又は１ｎＭ～１０ｎＭ）の親和性で、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に結合することができる。

【０３７１】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、例えば、Ｈｅ ａｎｄ Ｐｕ（２０１０）Ｃｕｒｒ．Ｐｒｏｔｏｃ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ Ｃｈａｐｔｅｒ ２１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、ＣｈＩＰ－ｓｅｑ（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞中で）により測定して、標的細胞、例えば、ヒト標的細胞のゲノム中のいずれか他の配列よりも高い頻度で、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）と結合していることが認められる。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、例えば、Ｈｅ ａｎｄ Ｐｕ（２０１０）（前掲）に記載のように、例えば、ＣｈＩＰ－ｓｅｑ（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ中で）により測定して、標的細胞のゲノム中のいずれか他の配列よりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）と結合していることが認められる。

【０３７２】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ニッカーゼ活性を有し、標的ＤＮＡの１つの鎖を切断する。一部の実施形態では、ニッカーゼ活性は、標的部位における二本鎖切断の形成を減少させる。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的ＤＮＡの第１の鎖及び第２の鎖におけるねじれ型のニック構造を生成する。一部の実施形態では、ねじれ型のニック構造は、標的部位における遊離３’オーバーハングを生成する。一部の実施形態では、標的部位における遊離３’オーバーハングは、例えば、鋳型核酸の３’相同性領域のアクセス及びアニーリングを強化することによって編集効率を改善する。一部の実施形態では、ねじれ型のニック構造は、標的部位における二本鎖切断の形成を減少させる。

【０３７３】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的ＤＮＡの両方の鎖を切断し、例えば、切断部位のいずれの側にもｓｓＤＮＡオーバーハングを有さない標的の平滑末端切断をもたらす。本明細書に記載される遺伝子組換えシステムのエンドヌクレアーゼドメインのアミノ酸配列は、本明細書に記載されるエンドヌクレアーゼドメイン、例えば、本明細書に記載されるエンドヌクレアーゼドメインのアミノ酸配列と、少なくとも約５０％、少なくとも約６０％、少なくとも約７０％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％、少なくとも約９０％、少なくとも約９５％、少なくとも約９６％、少なくとも約９７％、少なくとも約９８％、少なくとも約９９％同一であり得る。

【０３７４】

特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、Ｆｏｋ１又はその機能性断片である。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、ホリデイジャンクションリゾルバーゼ又はその相同体、例えば、スルホロブス・ソルファタリカス（Ｓｕｌｆｏｌｏｂｕｓ ｓｏｌｆａｔａｒｉｃｕｓ）からのホリデイジャンクション切断酵素（Ｓｓｏｌ Ｈｊｅ）である（Ｇｏｖｉｎｄａｒａｊｕ ｅｔ ａｌ．，Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓｅａｒｃｈ ４４：７，２０１６）。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、Ｐｒｐ８などのスプライセオソームタンパク質の大きい断片のエンドヌクレアーゼである（Ｍａｈｂｕｂ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｂｉｌｅ ＤＮＡ ８：１６，２０１７）。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、ＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質、例えば、Ｃａｓ９に由来する。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、ｓｓＤＮＡ切断活性のみ、例えば、ニッカーゼ活性のみを有するように、例えば、Ｃａｓ９ニッカーゼ、例えば、Ｄ１０Ａ、Ｈ８４０Ａ、又はＮ８６３Ａ突然変異を有するＳｐＣａｓ９であるように改変される。表８は、例示的なＣａｓタンパク質及びニッカーゼ活性に関連する突然変異を示す。更に他の実施形態では、相同エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、部位特異的突然変異によって修飾されることで、ＤＮＡエンドヌクレアーゼ活性を改変する。更に他の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、ＤＮＡ配列特異性を付与する領域を不活性化するために、ＤＮＡ配列特異性又は突然変異を付与するドメインを除去するための切断により、ＤＮＡ配列特異性を低下させるように修飾される。

【０３７５】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ニッカーゼ活性を有し、二本鎖切断を形成しない。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、二本鎖切断より高い頻度で一本鎖切断を形成し、例えば、切断の少なくとも９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％は、一本鎖切断であり、又は切断の１０％、５％、４％、３％、２％若しくは１％未満は、二本鎖切断である。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼは、二本鎖切断を実質的に形成しない。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼは、検出可能なレベルの二本鎖切断を形成しない。

【０３７６】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れるニッカーゼ活性を有し；例えば、一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ライティングドメインによって伸長されることになる鎖上の改変部位近傍の標的部位のゲノムＤＮＡを切断する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン

は、第１の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れ、第２の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れないニッカーゼ活性を有する。例えば、ポリペプチドが、ニッカーゼ活性を有するＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインを含むとき、一部の実施形態では、前記ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインは、ＰＡＭ部位を含む標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れる（例えば、そしてＰＡＭ部位を含まない標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れない）。更なる例として、ポリペプチドが、ニッカーゼ活性を有するＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインを含むとき、一部の実施形態では、前記ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインは、ＰＡＭ部位を含まない標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れる（例えば、そしてＰＡＭ部位を含む標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れない）。

【０３７７】

いくつかの他の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖及び第２の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れるニッカーゼ活性を有する。特定の理論に束縛されることを意図しないが、本明細書に記載のポリペプチドのライティングドメイン（例えば、ＲＴドメイン）が鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列から重合（例えば、逆転写）後、細胞ＤＮＡ修復機構は、第１のＤＮＡ鎖上のニックを修復しなければならない。標的部位ＤＮＡはここで、第１のＤＮＡ鎖に対して２つの異なる配列を含み：１番目は元のゲノムＤＮＡ（例えば、自由５’末端を有する）に対応し、２番目は異種目的配列（例えば、自由３’末端を有する）から重合されたものに対応する。２つの異なる配列が互いに平衡化し、まず一方、次いで他方が第２の鎖とハイブリダイズすると考えられ、ここで細胞ＤＮＡ修復装置のその修復標的部位への組み込みの順序は確率過程であると考えられる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、更なるニックの第２の鎖への導入が、異種目的配列に基づく配列を元のゲノム配列よりも頻繁に用いるように、細胞ＤＮＡ修復機構をバイアスし得ると考えられる（Ａｎｚａｌｏｎｅ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔｕｒｅ　５７６：１４９－１５７（２０１９））。一部の実施形態では、更なるニックは、標的部位修飾（例えば、挿入、欠失又は置換）の５’若しくは３’又は第１の鎖上のニックに対して、少なくとも１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１０５、１１０、１１５、１２０、１２５、１３０、１３５、１４０、１４５若しくは１５０ヌクレオチドに位置づけられる。

【０３７８】

代替的に又は追加的に、特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖に対する更なるニックが第２の鎖合成を促進し得ると考えられる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムが第１の鎖の一部を挿入又は置換している場合、第２の鎖における挿入／置換に対応する新しい配列の合成が必要である。

【０３７９】

一部の実施形態では、ポリペプチドは、エンドヌクレアーゼ活性を有する単一ドメイン（例えば、単一エンドヌクレアーゼドメイン）を含み、前記ドメインは、第１の鎖及び第２の鎖の両方に切れ目を入れる。例えば、こうした実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインであり得、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、第１の鎖のニッキングを導くｇＲＮＡスペーサー及び第２の鎖のニッキングを導く更なるｇＲＮＡスペーサーを含む。一部の実施形態では、ポリペプチドは、エンドヌクレアーゼ活性を有する複数のドメインを含み、第１のエンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖に切れ目を入れ、且つ第２のエンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖に切れ目を入れる（任意選択で、第１のエンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖に切れ目を入れず（例えば、それができず）、且つ第２のエンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖に切れ目を入れない（例えば、それができない））。

【０３８０】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖及び第２の鎖に切れ目を入れることができる。一部の実施形態では、第１の鎖及び第２の鎖ニックは、標的部位における同じ位置で起こるが、逆鎖上では起きない。一部の実施形態では、第２の鎖ニッ

クは、例えば、第１ニックから上流又は下流の、ねじれた位置で起こる。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖ニックが第１の鎖ニックの上流にある場合、標的部位の欠失を生成する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖ニックが第１の鎖ニックの下流にある場合、標的部位の重複を生成する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１及び第２の鎖ニックが標的部位の同じ位置で起こる場合、重複及び／又は欠失を生成しない。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、（例えば、Ｃｈｒｉｓｔｅｎｓｅｎ　ｅｔ　ａｌ．ＰＮＡＳ　２００６に記載のとおり；その全体は参照により本明細書に組み込まれる）第１の鎖又は第２の鎖のニッキングを促進する、タンパク質立体構造又はＲＮＡ結合状態に応じた、改変された活性を有する。

【０３８１】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ホーミングエンドヌクレアーゼ、又はその機能性断片を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えばファミリー名に示されるとおり、例えば、保存されたアミノ酸モチーフを有する、ＬＡＧＬＩＤＡＤＧ、ＧＩＹ－ＹＩＧ、ＨＮＨ、Ｈｉｓ－Ｃｙｓ　Ｂｏｘ、又はＰＤ－（Ｄ／Ｅ）ＸＫファミリーからのメガヌクレアーゼ、又はその機能性断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、Ｉ－ＳｍａＭＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｆ７ＷＤ４２）、Ｉ－ＳｃｅＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ０３８８２）、Ｉ－ＡｎｉＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ０３８８０）、Ｉ－ＤｍｏＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ２１５０５）、Ｉ－ＣｒｅＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ０５７２５）、Ｉ－ＴｅｖＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ１３２９９）、Ｉ－ＯｎｕＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｑ４ＶＷＷ５）、又はＩ－ＢｍｏＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｑ９ＡＮＲ６）から選択されるメガヌクレアーゼ、又はその断片を含む。一部の実施形態では、メガヌクレアーゼは、天然には、その機能的形態において、単量体、例えば、Ｉ－ＳｃｅＩ、Ｉ－ＴｅｖＩ、又は二量体、例えば、Ｉ－ＣｒｅＩである。例えば、ＬＡＧＬＩＤＡＤＧモチーフの単一コピーを有するＬＡＧＬＩＤＡＤＧメガヌクレアーゼは、一般にホモ二量体を形成する一方、ＬＡＧＬＩＤＡＤＧモチーフの２つのコピーを有するメンバーは、一般に単量体として見出される。一部の実施形態では、通常は二量体として形成するメガヌクレアーゼは、融合体として発現され、例えば、２つのサブユニットは、単一のＯＲＦとして、任意選択で、リンカーによって連結された、例えばＩ－ＣｒｅＩ二量体融合体として発現される（Ｒｏｄｒｉｇｕｅｚ－Ｆｏｒｎｅｓ　ｅｔ　ａｌ．Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒａｐｙ　２０２０；その全体は参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片は、二本鎖ＤＮＡ分子、例えば、Ｉ－ＳｃｅＩ（Ｋ１２２Ｉ及び／又はＫ２２３Ｉ）（Ｎｉｕ　ｅｔ　ａｌ．Ｊ　Ｍｏｌ　Ｂｉｏｌ　２００８）、Ｉ－ＡｎｉＩ（Ｋ２２７Ｍ）（ＭｃＣｏｎｎｅｌｌ　Ｓｍｉｔｈ　ｅｔ　ａｌ．ＰＮＡＳ　２００９）、Ｉ－ＤｍｏＩ（Ｑ４２Ａ及び／又はＫ１２０Ｍ）（Ｍｏｌｉｎａ　ｅｔ　ａｌ．Ｊ　Ｂｉｏｌ　Ｃｈｅｍ　２０１５）の一方の鎖においてニッカーゼ活性を優先するように改変される。一部の実施形態では、一本鎖切断についてのこの優先性を有するメガヌクレアーゼ又はその機能性断片は、例えばニッカーゼ活性を有するエンドヌクレアーゼドメインとして使用される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、安全な港湾部位、例えば、Ｉ－ＣｒｅＩを標的にするＳＨ６部位を天然に標的にする、又は標的にするように改変された、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片を含む（Ｒｏｄｒｉｇｕｅｚ－Ｆｏｒｎｅｓ　ｅｔ　ａｌ．、上記）。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、配列耐性触媒ドメインを有する、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片、例えば、最小モチーフＣＮＮＮＧを認識するＩ－ＴｅｖＩを含む（Ｋｌｅｉｎｓｔｉｖｅｒ　ｅｔ　ａｌ．ＰＮＡＳ　２０１２）。一部の実施形態では、標的配列耐性触媒ドメインは、ＤＮＡ結合ドメインに融合され、例として、例えば、Ｉ－ＴｅｖＩを、（ｉ）Ｔｅｖ－ＺＦＥを作出するためのＺｎフィンガー（Ｋｌｅｉｎｓｔｉｖｅｒ　ｅｔ　ａｌ．ＰＮＡＳ　２０１２）、（ｉｉ）ＭｅｇａＴｅｖを作出するための他のメガヌクレアーゼ（Ｗｏｌｆｓ　ｅｔ　ａ

ｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ２０１４）、及び／又は（ｉｉｉ）ＴｅｖＣａｓ９を作出するためのＣａｓ９（Ｗｏｌｆｓ ｅｔ ａｌ．ＰＮＡＳ ２０１６）に融合させることによって活性を誘導する。

【０３８２】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、制限酵素、例えば、タイプＩＩＳ又はタイプＩＩＰ制限酵素を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、タイプＩＩＳ制限酵素、例えば、ＦｏｋＩ又はその断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、タイプＩＩＰ制限酵素、例えば、ＰｖｕＩＩ又はその断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、二量体制限酵素は、それが一本鎖として機能するように、融合体、例えば、ＦｏｋＩ二量体融合体として発現される（Ｍｉｎｃｚｕｋ ｅｔ ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ３６（１２）：３９２６－３９３８（２００８））。

【０３８３】

更なるエンドヌクレアーゼドメインの使用は、例えば、Ｇｕｈａ ａｎｄ Ｅｄｇｅｌｌ Ｉｎｔ Ｊ Ｍｏｌ Ｓｃｉ １８（２２）：２５６５（２０１７）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【０３８４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、野生型Ｃａｓタンパク質と比べて、エンドヌクレアーゼドメインに対する修飾を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、野生型Ｃａｓタンパク質のアミノ酸配列に対する付加、欠失、置換、又は修飾を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合し、且つ／又はそのエンドヌクレアーゼ切断を誘導する異種機能ドメインを含むように修飾される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ジンクフィンガーを含む。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインを含むエンドヌクレアーゼドメインは、例えば、本明細書に記載される、ガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）と会合する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、特定の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列を標的にしない機能ドメインを含むように修飾される。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、Ｆｏｋ１ドメインを含む。

【０３８５】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的ｄｓＤＮＡと、インビトロでスクランブルｄｓＤＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）内で、標的ｄｓＤＮＡと、インビトロでスクランブルｄｓＤＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインと標的ＤＮＡ又はスクランブルＤＮＡとの間の会合の頻度は、例えば、Ｈｅ ａｎｄ Ｐｕ（２０１０）Ｃｕｒｒ．Ｐｒｏｔｏｃ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ Ｃｈａｐｔｅｒ ２１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＣｈＩＰ－ｓｅｑによって測定される。

【０３８６】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的配列でのニックの形成を、例えば、非標的配列と比較して（例えば、標的細胞のゲノム中の任意の他のゲノム配列と比較して）、少なくとも約５倍又は１０倍の増加まで触媒し得る。一部の実施形態では、ニック形成のレベルは、例えば、Ｅｌａｃｑｕａ ｅｔ ａｌ．（２０１９）ｂｉｏＲｘｉｖ ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／８６７９３７（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ニックＳｅｑを用いて測定される。

【０３８７】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、インビトロでのＤＮＡのニッキングが可能である。複数の実施形態では、ニックは、露出された塩基をもたらす。複数の実施形態では、露出された塩基は、例えば、Ｃｈａｕｄｈｒｙ ａｎｄ Ｗｅｉｎｆｅｌｄ（１９９５）Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ２３（１９）：３８０５－３８０

９（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ヌクレアーゼ感受性アッセイを用いて検出され得る。複数の実施形態では、（例えば、ヌクレアーゼ感受性アッセイによって検出された）露出された塩基のレベルは、参照エンドヌクレアーゼドメインと比較して、少なくとも１０％、５０％若しくはそれ以上増加する。一部の実施形態では、参照エンドヌクレアーゼドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）のＣａｓ９由来のエンドヌクレアーゼドメインである。

【０３８８】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、細胞内のＤＮＡのニッキングが可能である。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内のＤＮＡのニッキングが可能である。複数の実施形態では、Ｒａｄ５１の非存在下で複製を受ける未修復のニックは、例えば、Ｂｏｔｈｍｅｒ　ｅｔ　ａｌ．（２０１７）Ｎａｔ　Ｃｏｍｍｕｎ　８：１３９０５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載の、例えば、Ｒａｄ５１阻害アッセイを用いることによって検出可能である、ニックの部位でのＮＨＥＪ率の増加をもたらす。複数の実施形態では、ＮＨＥＪ率は、０～５％超増加する。複数の実施形態では、ＮＨＥＪ率は、例えば、Ｒａｄ５１阻害時、２０～７０％（例えば、３０％～６０％又は４０～５０％）まで増加する。

【０３８９】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、切断後、標的を放出する。一部の実施形態では、標的の放出は、例えば、Ｙｏｕｒｉｋ　ａｔ　ａｌ．ＲＮＡ　２５（１）：３５－４４（２０１９）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、また図２に示すように、酵素による複数のターンオーバーについて評価することによって間接的に示される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインの$k_{exp}$は、こうした方法により測定して、$1\times10^{-3}$～$1\times10^{-5}$分－１である。

【０３９０】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、インビトロで約$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率（$k_{cat}/K_m$）を有する。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、インビトロで約$1\times10^{5}$、$1\times10^{6}$、$1\times10^{7}$、又は$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率を有する。複数の実施形態では、触媒効率は、Ｃｈｅｎ　ｅｔ　ａｌ．（２０１８）Ｓｃｉｅｎｃｅ　３６０（６３８７）：４３６－４３９（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように決定される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、細胞内で約$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率（$k_{cat}/K_m$）を有する。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、細胞内で約$1\times10^{5}$、$1\times10^{6}$、$1\times10^{7}$、又は$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率を有する。

【０３９１】

Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓドメインを含む。一部の実施形態では、Ｃａｓドメインは、遺伝子組換えポリペプチドを、ｇＲＮＡスペーサーによって特定される標的部位に導き、それにより、「ｃｉｓ」における標的核酸配列を修飾し得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓドメインに融合される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメイン（本明細書においてＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質とも呼ばれる）を含む。一部の実施形態では、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインは、クラスター化して規則的な配置の短い回文配列リピート（ＣＲＩＳＰＲ）システムに関与するタンパク質、例えば、Ｃａｓタンパク質を含み、任意選択で、ガイドＲＮＡ、例えば単一ガイドＲＮＡ（ｓｇＲＮＡ）に結合する。

【０３９２】

ＣＲＩＳＰＲシステムは、最初に細菌及び古細菌において発見された適応防御システムである。ＣＲＩＳＰＲシステムは、外来ＤＮＡを切断するため、ＣＲＩＳＰＲ関連又は「Ｃａｓ」エンドヌクレアーゼ（例えば、Ｃａｓ９又はＣｐｆ１）と称されるＲＮＡ誘導型

ヌクレアーゼを使用する。例えば、典型的なＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓシステムにおいて、エンドヌクレアーゼは、一本鎖又は二本鎖ＤＮＡ配列を標的にする、配列特異的な非コード「ガイドＲＮＡ」により、標的ヌクレオチド配列（例えば、配列編集対象のゲノム中の部位）に導かれる。ＣＲＩＳＰＲシステムの３つのクラス（Ｉ～ＩＩＩ）は、同定されている。クラスＩＩ　ＣＲＩＳＰＲシステムは、（複数のＣａｓタンパク質ではなく）単一のＣａｓエンドヌクレアーゼを使用する。１つのクラスＩＩ　ＣＲＩＳＰＲシステムは、Ｃａｓ９、ＣＲＩＳＰＲ　ＲＮＡ（「ｃｒＲＮＡ」）、及びトランス活性化ｃｒＲＮＡ（「ｔｒａｃｒＲＮＡ」）などのＩＩ型Ｃａｓエンドヌクレアーゼを含む。ｃｒＲＮＡは、典型的に、標的ＤＮＡ配列に対応する約２０ヌクレオチドのＲＮＡ配列である「スペーサー」配列（プロトスペーサー）を含む。野生型システムにおいて、またいくつかの改変システムにおいて、ｃｒＲＮＡは、ｔｒａｃｒＲＮＡに結合し、リボヌクレアーゼＩＩＩによって切断される、部分的に二本鎖の構造を形成し、ｃｒＲＮＡ／ｔｒａｃｒＲＮＡハイブリッド分子をもたらす領域も含む。次に、ｃｒＲＮＡ／ｔｒａｃｒＲＮＡハイブリッドは、Ｃａｓエンドヌクレアーゼを、標的ＤＮＡ配列を認識し、切断するように導く。標的ＤＮＡ配列は、一般に、所与のＣａｓエンドヌクレアーゼに特異的であり、ｃｒＲＮＡのスペーサーに一致する標的部位における切断活性に必要とされる「プロトスペーサー隣接モチーフ」（「ＰＡＭ」）に隣接する。様々な原核生物種から同定されたＣＲＩＳＰＲエンドヌクレアーゼは、例えば、表７中の例示的なＣａｓ酵素について列挙される、固有のＰＡＭ配列の要件を有し；ＰＡＭ配列の例として、５’－ＮＧＧ（化膿レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｐｙｏｇｅｎｅｓ）；配列番号１１，０１９）、５’－ＮＮＡＧＡＡ（ストレプトコッカス・サーモフィラス（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）ＣＲＩＳＰＲ１；配列番号１１，０２０）、５’－ＮＧＧＮＧ（ストレプトコッカス・サーモフィラス（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）ＣＲＩＳＰＲ３；配列番号１１，０２１）、及び５’－ＮＮＮＧＡＴＴ（髄膜炎菌（Ｎｅｉｓｓｅｒｉａ　ｍｅｎｉｎｇｉｄｉｔｉｓ）；配列番号１１，０２２）が挙げられる。いくつかのエンドヌクレアーゼ、例えば、Ｃａｓ９エンドヌクレアーゼは、Ｇリッチ　ＰＡＭ部位、例えば５’－ＮＧＧ（配列番号１１，０２３）と会合し、ＰＡＭ部位から上流（から５’側）の３つのヌクレオチドの位置で標的ＤＮＡの平滑末端切断を実施する。別のクラスＩＩ　ＣＲＩＳＰＲシステムは、Ｃａｓ９より小さいＶ型エンドヌクレアーゼＣｐｆ１を含み；例として、ＡｓＣｐｆ１（アシダミノコッカス種（Ａｃｉｄａｍｉｎｏｃｏｃｃｕｓ　ｓｐ．）由来）及びＬｂＣｐｆ１（ラクノスピラセアエ種（Ｌａｃｈｎｏｓｐｉｒａｃｅａｅ　ｓｐ．）由来）が挙げられる。Ｃｐｆ１関連ＣＲＩＳＰＲアレイは、ｔｒａｃｒＲＮＡを必要とせず、成熟ｃｒＲＮＡに処理され；換言すれば、Ｃｐｆ１システムは、一部の実施形態において、標的ＤＮＡ配列を切断するため、専らＣｐｆ１ヌクレアーゼ及びｃｒＲＮＡを含む。Ｃｐｆ１エンドヌクレアーゼは、典型的に、Ｔリッチ　ＰＡＭ部位、例えば５’－ＴＴＮと会合する。Ｃｐｆ１は、５’－ＣＴＡ　ＰＡＭモチーフも認識し得る。Ｃｐｆ１は、典型的に、オフセット又はねじれ型の二本鎖切断を４－又は５－ヌクレオチドの５’オーバーハングに導入し、例えば、コード鎖上のＰＡＭ部位から１８ヌクレオチド下流（３’側）及び相補鎖上のＰＡＭ部位から２３ヌクレオチド下流に位置する、５－ヌクレオチドのオフセット又はねじれ型切断によって標的ＤＮＡを切断することによって標的ＤＮＡを切断し；こうしたオフセット切断から得られる５－ヌクレオチドのオーバーハングは、平滑末端切断ＤＮＡでの挿入ではなく、相同組換えによるＤＮＡ挿入により、より正確なゲノム編集を可能にする。例えば、Ｚｅｔｓｃｈｅ　ｅｔ　ａｌ．（２０１５）Ｃｅｌｌ，１６３：７５９－７７１を参照されたい。

【０３９３】

種々のＣＲＩＳＰＲ関連（Ｃａｓ）遺伝子又はタンパク質は、本開示によって提供される技術において使用することができ、Ｃａｓタンパク質の選択は、その方法の特定条件に依存することになる。Ｃａｓタンパク質の具体例として、Ｃａｓ１、Ｃａｓ２、Ｃａｓ３、Ｃａｓ４、Ｃａｓ５、Ｃａｓ６、Ｃａｓ７、Ｃａｓ８、Ｃａｓ９、Ｃａｓ１０、Ｃｐｆ１、Ｃ２Ｃ１、又はＣ２Ｃ３を含むクラスＩＩシステムが挙げられる。一部の実施形態で

は、Ｃａｓタンパク質、例えば、Ｃａｓ９タンパク質は、種々の原核生物種のいずれに由来し得る。一部の実施形態では、特定のＣａｓタンパク質、例えば、特定のＣａｓ９タンパク質は、特定のプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）配列を認識するように選択される。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメイン又はエンドヌクレアーゼドメインは、Ｃａｓタンパク質、例えば、Ｃａｓ９などの配列標的化ポリペプチドを含む。特定の実施形態では、Ｃａｓタンパク質、例えばＣａｓ９タンパク質は、細菌若しくは古細菌から得ることができるか、又は公知の方法を用いて合成され得る。特定の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、グラム陽性細菌又はグラム陰性細菌に由来し得る。特定の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、連鎖球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ）（例えば、化膿性連鎖球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）、又はＳ．サーモフィラス（Ｓ．ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ））、フランシセラ（Ｆｒａｎｃｉｓｅｌｌａ）（例えば、Ｆ．ノビシダ（Ｆ．ｎｏｖｉｃｉｄａ））、ブドウ球菌（Ｓｔａｐｈｙｌｏｃｏｃｃｕｓ）（例えば、黄色ブドウ球菌（Ｓ．ａｕｒｅｕｓ））、アシダミノコッカス（Ａｃｉｄａｍｉｎｏｃｏｃｃｕｓ）（例えば、アシダミノコッカス種ＢＶ３Ｌ６（Ａｃｉｄａｍｉｎｏｃｏｃｃｕｓ ｓｐ．ＢＶ３Ｌ６））、ナイセリア（Ｎｅｉｓｓｅｒｉａ）（例えば、髄膜炎菌（Ｎ．ｍｅｎｉｎｇｉｔｉｄｉｓ））、クリプトコッカス（ｃｒｙｐｔｏｃｏｃｃｕｓ）、コリネバクテリウム（Ｃｏｒｙｎｅｂａｃｔｅｒｉｕｍ）、ヘモフィルス（Ｈａｅｍｏｐｈｉｌｕｓ）、真正細菌（Ｅｕｂａｃｔｅｒｉｕｍ）、パスツレラ（Ｐａｓｔｅｕｒｅｌｌａ）、プレボテーラ（Ｐｒｅｖｏｔｅｌｌａ）、ベイロネラ（Ｖｅｉｌｌｏｎｅｌｌａ）、又はマリノバクター（Ｍａｒｉｎｏｂａｃｔｅｒ）に由来し得る。

【０３９４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、以下の配列番号４０００のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列を含み得る。複数の実施形態では、以下の配列番号４０００のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＮ末端に位置している。複数の実施形態では、以下の配列番号４０００のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＮ末端の１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、又は３０アミノ酸以内に位置している。

例示的なＮ末端ＮＬＳ－Ｃａｓ９ドメイン

【化５】

MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF
DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHP
IFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDV
DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVN
TEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR
EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLK
EDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDR
EMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
MQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPE
NIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD
MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ
LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKL
IREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDY
KVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKG
RDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAY
SVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEI
IEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR
KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGG（配列番号：4000）

【０３９５】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、以下の配列番号４００１のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列を含み得る。複数の実施形態では、以下の配列番号４００１のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＣ末端に位置している。複数の実施形態では、以下の配列番号４００１のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＣ末端の１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、又は３０アミノ酸以内に位置している。

ＮＬＳを含む例示的なＣ末端配列

ＡＧＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４００１）

例示的なベンチマーク配列

【化６】

MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF
DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHP
IFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDV
DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVN
TEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR
EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLK
EDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDR
EMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
MQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPE
NIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD
MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ
LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKL
IREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDY
KVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKG
RDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAY
SVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEI
IEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR
KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGG
SSGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATS
TPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNK
RVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLT
WTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLG
NLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRL
FIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGY
AKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAV
EALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHG
TRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQ
ALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSI
IHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRT
ADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE (配列番号：4002)

【０３９６】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表７若しくは８に列挙されるＣａｓドメイン、又はその機能的フラグメント、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列を含み得る。

【０３９７】

【表７】

表7. CRISPR/Casタンパク質、種、及び突然変異

| 名称 | 酵素 | 種 | AAの数 | PAM | 配列番号 | PAM認識を改変するための突然変異 | 触媒不活性化のための突然変異 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| FnCas9 | Cas9 | フランシセラ・ノビシダ (Francisella novicida) | 1629 | 5'-NGG-3' | 11,024 | Wt | D11A/H969A/N995A |
| FnCas9 RHA | Cas9 | フランシセラ・ノビシダ (Francisella novicida) | 1629 | 5'-YG-3' | 11,025 | E1369R/E1449H/R1556A | D11A/H969A/N995A |
| SaCas9 | Cas9 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | 1053 | 5'-NNGRRT-3' | 11,026 | Wt | D10A/H557A |
| SaCas9 KKH | Cas9 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | 1053 | 5'-NNNRRT-3' | 11,027 | E782K/N968K/R1015H | D10A/H557A |
| SpCas9 | Cas9 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | 1368 | 5'-NGG-3' | 11,028 | Wt | D10A/D839A/H840A/N863A |
| SpCas9 VQR | Cas9 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | 1368 | 5'-NGA-3' | 11,029 | D1135V/R1335Q/T1337R | D10A/D839A/H840A/N863A |
| AsCpf1 RR | Cpf1 | アシダミノコッカス属 (Acidaminococcus sp. JBV3L6 | 1307 | 5'-TYCV-3' | 11,030 | S542R/K607R | E993A |
| AsCpf1 RVR | Cpf1 | アシダミノコッカス属 (Acidaminococcus sp. JBV3L6 | 1307 | 5'-TATV-3' | 11,031 | S542R/K548V/N552R | E993A |
| FnCpf1 | Cpf1 | フランシセラ・ノビシダ (Francisella novicida) | 1300 | 5'-NTTN-3' | 11,032 | Wt | D917A/E1006A/D1255A |
| NmCas9 | Cas9 | 髄膜炎菌 (Neisseria meningitidis) | 1082 | 5'-NNNGATT-3' | 11,033 | Wt | D16A/D587A/H588A/N611A |

【０３９８】

【表８－１】

表8. CRISPR/Casタンパク質、種、及び突然変異のアミノ酸配列

| 変異体 | 親宿主 | タンパク質配列 | 配列番号 | ニッカーゼ (HNH) | ニッカーゼ (HNH) | ニッカーゼ (RuvC) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Nme2Cas9 | 髄膜炎菌 (Neisseria meningitidis) | MAAFKPNPINYILGLDIGIASVGWAMVEIDEEENPIRLIDLGVRVFERAEVPKTGDSLAMARRLARSVRRLTRRRAHRLLRARRLLKREGVLQAADFDENGLIKSLPNTPWQLRAAALDRKLTPLEWSAVLLHLIKHRGYLSQRKNEGETADKELGALLKGVANNAHALQTGDFRTPAELALNKFEKESGHIRNQRGDYSHTFSRKDLQAELILLFEKQKEFGNPHVSGGLKEGIETLLMTQRPALSGDAVQKMLGHCTFEPAEPKAAKNTYTAERFIWLTKLNNLRILEQGSERPLTDTERATLMDEPYRKSKLTYAQARKLLGLEDTAFFKGLRYGKDNAEASTLMEMKAYHAISRALEKEGLKDKKSPLNLSSELQDEIGTAFSLFKTDEDITGRLKDRVQPEILEALLKHISFDKFVQISLKALRRIVPLMEQGKRYDEACAEIYGDHYGKKNTEEKIYLPPIPADEIRNPVVLRALSQARKVINGVVRRYGSPARIHIETARDVGKSFKDRKEIEKRQEENRKDREKAAAKFREYFPNFVGEPKSKDILKLRLYEQQHGKCLYSGKEINLVRLNEKGYVEIDHALPFSRTWDDSFNNKVLVLGSENQNKGNQTPYEYFNGKDNSREWQEFKARVETSRFPRSKKQRILLQKFDEDGFKECNLNDTRYVNRFLCQFVADHILLTGKGKRRVFASNGQITNLLRGFWGLRKVRAENDRHHALDAVVVACSTVAMQQKITRFVRYKEMNAFDGKTIDKETGKVLHQKTHFPQPWEFFAQEVMIRVFGKPDGKPEFEEADTPEKLRTLLAEKLSSRPEAVHEYVTPLFVSRAPNRKMSGAHKDTLRSAKRFVKHNEKISVKRVWLTEIKLADLENMVNYKNGREIELYEALKARLEAYGGNAKQAFDPKDNPFYKKGGQLVKAVRVEKTQESGVLLNKKNAYTIADNGDMVRVDVFCKVDKKGKNQYFIVPIYAWQVAENILPDIDCKGYRIDDSYTFCFSLHKYDLIAFQKDEKSKVEFAYYINCDSSNGRFYLAWHDKGSKEQQFRISTQNLVLIQKYQVNELGKEIRPCRLKKRPPVR | 9,001 | N611A | H588A | D16A |
| PpnCas9 | 肺パスツレラ菌 (Pasteurella pneumotropica) | MQNNPLNYILGLDLGIASIGWAVVEIDEESSPIRLIDVGVRTFERAEVAKTGESLALSRRLARSSRRLIKRRAERLKKAKRLLKAEKILHSIDEKLPINVWQLRVKGLKEKLERQEWAAVLLHLSKHRGYLSQRKNEGKSDNKELGALLSGIASNHQMLQSSEYRTPAEIAVKKFQVEEGHIRNQRGSYTHTFSRLDLLAEMELLFQRQAELGNSYTSTTLLENLTALLMWQKPALAGDAILKMLGKCTFEPSEYKAAKNSYSAERFVWLTKLNNLRILENGTERALNDNERFALLEQPYEKSKLTYAQVRAMLALSDNAIFKGVRYLGEDKKTVESKTTLIEMKFYHQIRKTLGSAELKKEWNELKGNSDLLDEIGTAFSLYKTDDDICRYLEGKLPERVLNALLENLNFDKFIQLSLKALHQILPLMLQGQRYDEAVSAIYGDHYGKKSTETTRLLPTIPADEIRNPVVLRTLTQARKVINAVVRLYGSPARIHIETAREVGKSYQDRKKLEKQQEDNRKQRESAVKKFKEMFPHFVGEPKGKDILKMRLYELQQAKCLYSGKSLELHRLLEKGYVEVDHALPFSRTWDDSFNNKVLVLANENQNKGNLTPYEWLDGKNNSERWQHFVV | 9,002 | N605A | H582A | D13A |

【０３９９】

【表８－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | RVQTSGFSYAKKQRILNHKLDEKGFIERNLNDTRYVARFLCNFIADNMLLVG<br>KGKRNVFASNGQITALLRHRWGLQKVREQNDRHHALDAVVVACSTVAMQ<br>QKITRFVRYNEGNVFSGERIDRETGEIIPLHFPSPWAFFKENVEIRIFSENPKLE<br>LENRLPDYPQYNHEWVQPLFVSRMPTRKMTGQGHMETVKSAKRLNEGLS<br>VLKVPLTQLKLSDLERMVNRDREIALYESLKARLEQFGNDPAKAFAEPFYKKG<br>GALVKAVRLEQTQKSGVLVRDGNGVADNASMVRVDVFTKGGKYFLVPIYT<br>WQVAKGILPNRAATQGKDENDWDIMDEMATFQFSLCQNDLIKLVTKKKTI<br>FGYFNGLNRATSNINIKEHDLDKSKGKLGIYLEVGVKLAISLEKYQVDELGKNI<br>RPCRPTKRQHVR | | | | |
| SauCas9 | 黄色ブドウ球菌<br>(Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA<br>RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA<br>ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK<br>DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE<br>GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN<br>NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST<br>GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE<br>LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV<br>DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK<br>DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS<br>LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ<br>YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL<br>VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG<br>YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ<br>EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRELINDTLYSTRKDDKGNTLIVN<br>NLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPL<br>YKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVKL<br>SLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQA<br>EFIASFYNNDLIKINGELYRVIGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPP<br>RIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,003 | N580A | H557A | D10A |
| SauCas9-KKH | 黄色ブドウ球菌<br>(Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA<br>RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA<br>ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK<br>DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE<br>GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN<br>NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST<br>GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE<br>LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV<br>DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK<br>DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS<br>LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ<br>YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL<br>VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG<br>YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ<br>EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV<br>NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP<br>LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK<br>LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ<br>AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRP<br>PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,004 | N580A | H557A | D10A |
| SauriCas9 | スタフィロコッカス・アウリクラリス<br>(Staphylococcus auricularis) | MQENQQKQNYILGLDIGITSVGYGLIDSKTREVIDAGVRLFPEADSENNSNR<br>RSKRGARRLKRRRIHRLNRVKDLLADYQMIDLNNVPKSTDPYTIRVKGLREPL<br>TKEEFAIALLHIAKRRGLHNISVSMGDEEQDNELSTKQQLQKNAQQLQDKY<br>VCELQLERLTNINKVRGEKNRFKTEDFVKEVKQLCETQRQYHNIDDQFIQQY<br>IDLVSTRREYFEGPGNGSPYGWDGDLLKWYEKLMGRCTYFPEELRSVKYAYS<br>ADLFNALNDLNNLVVTRDDNPKLEYYEKYHIIENVFKQKKNPTLKQIAKEIGV<br>QDYDIRGYRITKSGKPQFTSFKLYHDLKNIFEQAKYLEDVEMLDEIAKILTIYQ<br>DEISIKKALDQLPELLTESEKSQIAQLTGYTGTHRLSLKCIHIVIDELWESPENQ<br>MEIFTRLNLKPKKVEMSEIDSIPTTLVDEFILSPVVKRAFIQSIKVINAVINRFGL | 9,005 | N588A | H565A | D15A |

【０４００】

【表８－３】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | PEDIIELAREKNSKDRRKFINKLQKQNEATRKKIEQLLAKYGNTNAKYMIEKI<br>KLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLSNPTHYEVDHIIPRSVSFDNSLNNKVLVKQ<br>SENSKKGNRTPYQYLSSNESKISYNQFKQHILNLSKAKDRISKKKRDMLLEER<br>DINKFEVQKEFINRNLVDTRYATRELSNLLKTYFSTHDYAVKVKTINGGFTNH<br>LRKVWDFKKHRNHGYKHHAEDALVIANADFLFKTHKALRRTDKILEQPGLE<br>VNDTTVKVDTEEKYQELFETPKQVKNIKQFRDFKYSHRVDKKPNRQLINDTL<br>YSTREIDGETYVVQTLKDLYAKDNEKVKKLFTERPQKILMYQHDPKTFEKLM<br>TILNQYAEAKNPLAAYYEDKGEYVTKYAKKGNGPAIHKIKYIDKKLGSYLDVS<br>NKYPETQNKLVKLSLKSFRFDIYKCEQGYKMVSIGYLDVLKKDNYYYIPKDKYE<br>AEKQKKKIKESDLFVGSFYYNDLIMYEDELFRVIGVNSDINNLVELNMVDITY<br>KDFCEVNNVTGEKRIKKTIGKRVVLIEKYTTDILGNLYKTPLPKKPQLIFKRGEL | | | | |
| SauriCas9-KKH | スタフィロコッカス・アウリクラリス<br>(Staphylococcus auricularis) | MQENQQKQNYILGLDIGITSVGYGLIDSKTREVIDAGVRLFPEADSENNSNR<br>RSKRGARRLKRRRIHRLNRVKDLLADYQMIDLNNVPKSTDPYTIRVKGLREPL<br>TKEEFAIALLHIAKRRGLHNISVSMGDEEQDNELSTKQQLQKNAQQLQDKY<br>VCELQLERLTNINKVRGEKNRFKTEDFVKEVKQLCETQRQYHNIDDQFIQQY<br>IDLVSTRREYFEGPGNGSPYGWDGDLLKWYEKLMGRCTYFPEELRSVKYAYS<br>ADLFNALNDLNNLVVTRDDNPKLEYYEKYHIIENVFKQKKNPTLKQIAKEIGV<br>QDYDIRGYRITKSGKPQFTSFKLYHDLKNIFEQAKYLEDVEMLDEIAKILTIYQ<br>DEISIKKALDQLPELLTESEKSQIAQLTGYTGTHRLSLKCIHIVIDELWESPENQ<br>MEIFTRLNLKPKKVEMSEIDSIPTTLVDEFILSPVVKRAFIQSIKVINAVINRFGL<br>PEDIIIELAREKNSKDRRKFINKLQKQNEATRKKIEQLLAKYGNTNAKYMIEKI<br>KLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLSNPTHYEVDHIIPRSVSFDNSLNNKVLVKQ<br>SENSKKGNRTPYQYLSSNESKISYNQFKQHILNLSKAKDRISKKKRDMLLEER<br>DINKFEVQKEFINRNLVDTRYATRELSNLLKTYFSTHDYAVKVKTINGGFTNH<br>LRKVWDFKKHRNHGYKHHAEDALVIANADFLFKTHKALRRTDKILEQPGLE<br>VNDTTVKVDTEEKYQELFETPKQVKNIKQFRDFKYSHRVDKKPNRKLINDTL<br>YSTREIDGETYVVQTLKDLYAKDNEKVKKLFTERPQKILMYQHDPKTFEKLM<br>TILNQYAEAKNPLAAYYEDKGEYVTKYAKKGNGPAIHKIKYIDKKLGSYLDVS<br>NKYPETQNKLVKLSLKSFRFDIYKCEQGYKMVSIGYLDVLKKDNYYYIPKDKYE<br>AEKQKKKIKESDLFVGSFYKNDLIMYEDELFRVIGVNSDINNLVELNMVDITY<br>KDFCEVNNVTGEKHIKKTIGKRVVLIEKYTTDILGNLYKTPLPKKPQLIFKRGEL | 9,006 | N588A | H565A | D15A |
| ScaCas9-Sc++ | ストレプトコッカス・カニス<br>(Streptococcus canis) | MEKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALL<br>FDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIRYLQEIFANEMAKLDDSFFQRLEESF<br>LVEEDKKNERHPIFGNLADEVAYHRNYPTIYHLRKKLADSPEKADLRLIYLALA<br>HIIKFRGHFLIEGKLNAENSDVAKLFYQLIQTYNQLFEESPLDEIEVDAKGILSA<br>RLSKSKRLEKLIAVFPNEKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNFDLTEDAKLQLSKD<br>TYDDDLDELLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILRSNSEVTKAPLSASMV<br>KRYDEHHQDLALLKTLVRQQFPEKYAEIFKDDTKNGYAGYVGADKKLRKRS<br>GKLATEEEFYKFIKPILEKMDGAEELLAKLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLK<br>ELHAILRRQEEFYPFLKENREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWLTRKSEEA<br>ITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSLLYEYFTVYNEL<br>TKVKYVTERMRKPEFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS<br>VEIIGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE<br>ERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRHYTGWGRLSRKMINGIRDKQSGKTILDFLKS<br>DGFSNRNFMQLIHDDSLTFKEEIEKAQVSGQGDSLHEQIADLAGSPAIKKGIL<br>QTVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTTKGLQQSRERKKRIEEGIKELE<br>SQILKENPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVP<br>QSFIKDDSIDNKVLTRSVENRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQ<br>RKFDNLTKAERGGLSEADKAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKN<br>DKPIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQLYKVRDINNYHHAHDAYLNAVVGTALIK<br>KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKRFFYSNIMNFFKTEVKL<br>ANGEIRKRPLIETNGETGEVVWNKEKDFATVRKVLAMPQVNIVKKTEVQTG<br>GFSKESILSKRESAKLIPRKKGWDTRKYGGFGSPTVAYSILVVAKVEKGKAKKL<br>KSVKVLVGITIMEKGSYEKDPIGFLEAKGYKDIKKELIFKLPKYSLFELENGRRR<br>MLASAKELQKANELVLPQHLVRLLYYTQNISATTGSNNLGYIEQHREEFKEIF<br>EKIIDFSEKYILKNKVNSNLKSSFDEQFAVSDSILLSNSFVSLLKYTSFGASGGFT<br>FLDLDVKQGRLRYQTVTEVLDATLIYQSITGLYETRTDLSQLGGD | 9,007 | N872A | H849A | D10A |

【０４０１】

【表８－４】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA GELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF KYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,008 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-NG | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES IRPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA RFLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPRAF KYFDTTIDRKVYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,009 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-SpRY | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAERTRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF | 9,010 | N863A | H840A | D10A |

【０４０２】

【表８－５】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES IRPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFLWPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK ELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS AKQLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTRLGAPRAF KYFDTTIDPKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| St1Cas9 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVFK APYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKADE TYVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPN KQINEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLGNHIDIT PKDSNNKVVLQSVSPWRADVYFNKTTGKYEILGLKYADLQFEKGTGTYKISQ EKYNDIKKKEGVDSDSEFKFTLYKNDLLLVKDTETKEQQLFRFLSRTMPKQKH YVELKPYDKQKFEGGEALIKVLGNVANSGQCKKGLGKSNISIYKVRTDVLGN QHIIKNEGDKPKLDF | 9,011 | N622A | H599A | D9A |
| BlatCas9 | ブレビバチルス・ラテロスポルス (Brevibacillus laterosporus) | MAYTMGIDVGIASCGWAIVDLERQRIIDIGVRTFEKAENPKNGEALAVPRRE ARSSRRRLRRKKHRIERLKHMFVRNGLAVDIQHLEQTLRSQNEIDVWQLRV DGLDRMLTQKEWLRVLIHLAQRRGFQSNRKTDGSSEDGQVLVNVTENDRL MEEKDYRTVAEMMVKDEKFSDHKRNKNGNYHGVVSRSSLLVEIHTLFETQ RQHHNSLASKDFELEYVNIWSAQRPVATKDQIEKMIGTCTFLPKEKRAPKAS WHFQYFMLLQTINHIRITNVQGTRSLNKEEIEQVVNMALTKSKVSYHDTRKI LDLSEEYQFVGLDYGKEDEKKKVESKETIIKLDDYHKLNKIFNEVELAKGETWE ADDYDTVAYALTFFKDDEDIRDYLQNKYKDSKNRLVKNLANKEYTNELIGKV STLSFRKVGHLSLKALRKIIPFLEQGMTYDKACQAAGFDFQGISKKKRSVVLP VIDQISNPVVNRALTQTRKVINALIKKYGSPETIHIETARELSKTFDERKNITKD YKENRDKNEHAKKHLSELGIINPTGLDIVKYKLWCEQQGRCMYSNQPISFER LKESGYTEVDHIIPYSRSMNDSYNNRVLVMTRENREKGNQTPFEYMGNDT QRWYEFEQRVTTNPQIKKEKRQNLLLKGFTNRRELEMLERNLNDTRYITKYL SHFISTNLEFSPSDKKKKVVNTSGRITSHLRSRWGLEKNRGQNDLHHAMDAI VIAVTSDSFIQQVTNYYKRKERRELNGDDKFPLPWKFFREEVIARLSPNPKEQ IEALPNHFYSEDELADLQPIFVSRMPKRSITGEAHQAQFRRVVGKTKEGKNIT AKKTALVDISYDKNGDFNMYGRETDPATYEAIKERYLEFGGNVKKAFSTDLH KPKKDGTKGPLIKSVRIMENKTLVHPVNKGKGVVYNSSIVRTDVFQRKEKYY | 9,012 | N607A | H584A | D8A |

【０４０３】

【表８－６】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | LLPVYVTDVTKGKLPNKVIVAKKGYHDWIEVDDSFTFLFSLYPNDLIFIRQNPK KKISLKKRIESHSISDSKEVQEIHAYYKGVDSSTAAIEFIIHDGSYYAKGVGVQN LDCFEKYQVDILGNYFKVKGEKRLELETSDSNHKGKDVNSIKSTSR | | | | |
| cCas9-v16 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNSDKNNLIEVNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,013 | N580A | H557A | D10A |
| cCas9-v17 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNSTRNIVELNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,014 | N580A | H557A | D10A |
| cCas9-v21 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV | 9,015 | N580A | H557A | D10A |

【０４０４】

【表８－７】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNSDDRNIIELNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | | | | |
| cCas9-v42 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNNRLNKIELNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,016 | N580A | H557A | D10A |
| CdiCas9 | ジフテリア菌 (Corynebacterium diphtheriae) | MKYHVGIDVGTFSVGLAAIEVDDAGMPIKTLSLVSHIHDSGLDPDEIKSAVT RLASSGIARRTRRLYRRKRRRLQQLDKFIQRQGWPVIELEDYSDPLYPWKVR AELAASYIADEKERGEKLSVALRHIARHRGWRNPYAKVSSLYLPDGPSDAFK AIREEIKRASGQPVPETATVGQMVTLCELGTLKLRGEGGVLSARLQQSDYAR EIQEICRMQEIGQQELYRKIIDVVFAAESPKGSASSRVGKDPLQPGKNRALKAS DAFQRYRIAALIGNLRVRVDGEKRILSVEEKNLVFDHLVNLTPKKEPEWVTIA EILGIDRGQLIGTATMTDDGERAGARPPTHDTNRSIVNSRIAPLVDWWKTA SALEQHAMVKALSNAEVDDFDSPEGAKVQAFFADLDDDVHAKLDSLHLPV GRAAYSEDTLVRLTRRMLSDGVDLYTARLQEFGIEPSWTPPTPRIGEPVGNP AVDRVLKTVSRWLESATKTWGAPERVIIEHVREGFVTEKRAREMDGDMRR RAARNAKLFQEMQEKLNVQGKPSRADLWRYQSVQRQNCQCAYCGSPITF SNSEMDHIVPRAGQGSTNTRENLVAVCHRCNQSKGNTPFAIWAKNTSIEG VSVKEAVERTRHWVTDTGMRSTDFKKFTKAVVERFQRATMDEEIDARSME SVAWMANELRSRVAQHFASHGTTVRVYRGSLTAEARRASGISGKLKFFDGV GKSRLDRRHHAIDAAVIAFTSDYVAETLAVRSNLKQSQAHRQEAPQWREFT GKDAEHRAAWRVWCQKMEKLSALLTEDLRDDRVVVMSNVRLRLGNGSA HKETIGKLSKVKLSSQLSVSDIDKASSEALWCALTREPGFDPKEGLPANPERHI RVNGTHVYAGDNIGLFPVSAGSIALRGGYAELGSSFHHARVYKITSGKKPAF AMLRVYTIDLLPYRNQDLFSVELKPQTMSMRQAEKKLRDALATGNAEYLG WLVVDDELVVDTSKIATDQVKAVEAELGTIRRWRVDGFFSPSKLRLRPLQM SKEGIKKESAPELSKIIDRPGWLPAVNKLFSDGNVTVVRRDSLGRVRLESTAH LPVTWKVQ | 9,017 | N597A | H573A | D8A |
| CjeCas9 | カンピロバクター・ジェジュニ (Campylobacter jejuni) | MARILAFDIGISSIGWAFSENDELKDCGVRIFTKVENPKTGESLALPRRLARSA RKRLARRKARLNHLKHLIANEFKLNYEDYQSFDESLAKAYKGSLISPYELRFRA LNELLSKQDFARVILHIAKRRGYDDIKNSDDKEKGAILKAIKQNEEKLANYQS VGEYLYKEYFQKFKENSKEFTNVRNKKESYERCIAQSFLKDELKLIFKKQREFG FSFSKKFEEEVLSVAFYKRALKDFSHLVGNCSFFTDEKRAPKNSPLAFMFVAL TRIINLLNNLKNTEGILYTKDDLNALLNEVLKNGTLTYKQTKKLLGLSDDYEFK GEKGTYFIEFKKYKEFIKALGEHNLSQDDLNEIAKDITLIKDEIKLKKALAKYDLN QNQIDSLSKLEFKDHLNISFKALKLVTPLMLEGKKYDEACNELNLKVAINEDK KDFLPAFNETYYKDEVTNPVVLRAIKEYRKVLNALLKKYGKVHKINIELAREVG KNHSQRAKIEKEQNENYKAKKDAELECEKLGLKINSKNILKLRLFKEQKEFCAY SGEKIKISDLQDEKMLEIDHIYPYSRSFDDSYMNKVLVFTKQNQEKLNQTPFE | 9,018 | N582A | H559A | D8A |

【０４０５】

【表８－８】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | AFGNDSAKWQKIEVLAKNLPTKKQKRILDKNYKDKEQKNFKDRNLNDTRYI ARLVLNYTKDYLDFLPLSDDENTKLNDTQKGSKVHVEAKSGMLTSALRHTW GFSAKDRNNHLHHAIDAVIIAYANNSIVKAFSDFKKEQESNSAELYAKKISELD YKNKRKFFEPFSGFRQKVLDKIDEIFVSKPERKKPSGALHEETFRKEEEFYQSY GGKEGVLKALELGKIRKVNGKIVKNGDMFRVDIFKHKKTNKFYAVPIYTMDF ALKVLPNKAVARSKKGEIKDWILMDENYEFCFSLYKDSLILIQTKDMQEPEFV YYNAFTSSTVSLIVSKHDNKFETLSKNQKILFKNANEKEVIAKSIGIQNLKVFEK YIVSALGEVTKAEFRQREDFKK | | | | |
| GeoCas9 | ゲオバチルス・ステアロサーモフィラス (Geobacillus stearothermophilus) | MRYKIGLDIGITSVGWAVMNLDIPRIEDLGVRIFDRAENPQTGESLALPRRLA RSARRRLRRRKHRLERIRRLVIREGILTKEELDKLFEEKHEIDVWQLRVEALDR KLNNDELARVLLHLAKRRGFKSNRKSERSNKENSTMLKHIEENRAILSSYRTV GEMIVKDPKFALHKRNKGENYTNTIARDDLEREIRLIFSKQREFGNMSCTEEF ENEYITIWASQRPVASKDDIEKKVGFCTFEPKEKRAPKATYTFQSFIAWEHIN KLRLISPSGARGLTDEERRLLYEQAFQKNKITYHDIRTLLHLPDDTYFKGIVYDR GESRKQNENIRFLELDAYHQIRKAVDKVYGKGKSSSFLPIDFDTFGYALTLFKD DADIHSYLRNEYEQNGKRMPNLANKVYDNELIEELLNLSFTKFGHLSLKALRS ILPYMEQGEVYSSACERAGYTFTGPKKKQKTMLLPNIPPIANPVVMRALTQA RKVVNAIIKKYGSPVSIHIELARDLSQTFDERRKTKKEQDENRKKNETAIRQL MEYGLTLNPTGHDIVKFKLWSEQNGRCAYSLQPIEIERLLEPGYVEVDHVIPY SRSLDDSYTNKVLVLTRENREKGNRIPAEYLGVGTERWQQFETFVLTNKQFS KKKRDRLLRLHYDENEETEFKNRNLNDTRYISRFFANFIREHLKFAESDDKQK VYTVNGRVTAHLRSRWEFNKNREESDLHHAVDAVIVACTTPSDIAKVTAFY QRREQNKELAKKTEPHFPQPWPHFADELRARLSKHPKESIKALNLGNYDDQ KLESLQPVFVSRMPKRSVTGAAHQETLRRYVGIDERSGKIQTVVKTKLSEIKL DASGHFPMYGKESDPRTYEAIRQRLLEHNNDPKKAFQEPLYKPKKNGEPGP VIRTVKIIDTKNQVIPLNDGKTVAYNSNIVRVDVFEKDGKYYCVPVYTMDIM KGILPNKAIEPNKPYSEWKEMTEDYTFRFSLYPNDLIRIELPREKTVKTAAGEE INVKDVFVYYKTIDSANGGLELISHDHRFSLRGVGSRTLKRFEKYQVDVLGNI YKVRGEKRVGLASSAHSKPGKTIRPLQSTRD | 9,019 | N605A | H582A | D8A |
| iSpyMacCas9 | 連鎖球菌 (Streptococcus spp.) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRKLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEIQTVGQNGG LFDDNPKSPLEVTPSKLVPLKKELNPKKYGGYQKPTTAYPVLLITDTKQLIPISV MNKKQFEQNPVKFLRDRGYQQVGKNDFIKLPKYTLVDIGDGIKRLWASSKEI HKGNQLVVSKKSQILLYHAHHLDSDLSNDYLQNHNQQFDVLFNEIISFSKKC KLGKEHIQKIENVYSNKKNSASIEELAESFIKLLGFTQLGATSPFNFLGVKLNQ KQYKGKKDYILPCTEGTLIRQSITGLYETRVDLSKIGEDSGGSGGSKRTADGSE FES | 9,020 | N863A | H840A | D10A |
| NmeCas9 | 髄膜炎菌 (Neisseria meningitidis) | MAAFKPNSINYILGLDIGIASVGWAMVEIDEEENPIRLIDLGVRVFERAEVPK TGDSLAMARRLARSVRRLTRRRAHRLLRTRRLLKREGVLQAANFDENGLIKS | 9,021 | N611A | H588A | D16A |

【０４０６】

【表８－９】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | LPNTPWQLRAAALDRKLTPLEWSAVLLHLIKHRGYLSQRKNEGETADKELG<br>ALLKGVAGNAHALQTGDFRTPAELALNKFEKESGHIRNQRSDYSHTFSRKDL<br>QAELILLFEKQKEFGNPHVSGGLKEGIETLLMTQRPALSGDAVQKMLGHCTF<br>EPAEPKAAKNTYTAERFIWLTKLNNLRILEQGSERPLTDTERATLMDEPYRKS<br>KLTYAQARKLLGLEDTAFFKGLRYGKDNAEASTLMEMKAYHAISRALEKEGL<br>KDKKSPLNLSPELQDEIGTAFSLFKTDEDITGRLKDRIQPEILEALLKHISFDKFV<br>QISLKALRRIVPLMEQGKRYDEACAEIYGDHYGKKNTEEKIYLPPIPADEIRNP<br>VVLRALSQARKVINGVVRRYGSPARIHIETAREVGKSFKDRKEIEKRQEENRK<br>DREKAAAKFREYFPNFVGEPKSKDILKLRLYEQQHGKCLYSGKEINLGRLNEK<br>GYVEIDHALPFSRTWDDSFNNKVLVLGSENQNKGNQTPYEYFNGKDNSRE<br>WQEFKARVETSRFPRSKKQRILLQKFDEDGFKERNLNDTRYVNRFLCQFVA<br>DRMRLTGKGKKRVFASNGQITNLLRGFWGLRKVRAENDRHHALDAVVVA<br>CSTVAMQQKITRFVRYKEMNAFDGKTIDKETGEVLHQKTHFPQPWEFFAQ<br>EVMIRVFGKPDGKPEFEEADTLEKLRTLLAEKLSSRPEAVHEYVTPLFVSRAP<br>NRKMSGQGHMETVKSAKRLDEGVSVLRVPLTQLKLKDLEKMVNRENREPKL<br>YEALKARLEAHKDDPAKAFAEPFYKYDKAGNRTQQVKAVRVEQVQKTGVW<br>VRNHNGIADNATMVRVDVFEKGDKYYLVPIYSWQVAKGILPDRAVVQGKD<br>EEDWQLIDDSFNFKFSLHPNDLVEVITKKARMFGYFASCHRGTGNINIRIHD<br>LDHKIGKNGILEGIGVKTALSFQKYQIDELGKEIRPCRLKKRPPVR | | | | |
| ScaCas9 | ストレプトコッカス・カニス<br>(Streptococcus canis) | MEKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALL<br>FDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIRYLQEIFANEMAKLDDSFFQRLEESF<br>LVEEDKKNERHPIFGNLADEVAYHRNYPTIYHLRKKLADSPEKADLRLIYLALA<br>HIIKFRGHFLIEGKLNAENSDVAKLFYQLIQTYNQLFEESPLDEIEVDAKGILSA<br>RLSKSKRLEKLIAVFPNEKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNFDLTEDAKLQLSKD<br>TYDDDLDELLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILRSNSEVTKAPLSASMV<br>KRYDEHHQDLALLKTLVRQQFPEKYAEIFKDDTKNGYAGYVGIGIKHRKRTT<br>KLATQEEFYKFIKPILEKMDGAEELLAKLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLKE<br>LHAILRRQEEFYPFLKENREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWLTRKSEEAI<br>TPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSLLYEYFTVYNELT<br>KVKYVTERMRKPEFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSV<br>EIIGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEE<br>RLKTYAHLFDDKVMKQLKRRHYTGWGRLSRKMINGIRDKQSGKTILDFLKS<br>DGFSNRNFMQLIHDDSLTFKEEIEKAQVSGQGDSLHEQIADLAGSPAIKKGIL<br>QTVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTTKGLQQSRERKKRIEEGIKELE<br>SQILKENPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVP<br>QSFIKDDSIDNKVLTRSVENRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQ<br>RKFDNLTKAERGGLSEADKAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKN<br>DKPIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQLYKVRDINNYHHAHDAYLNAVVGTALIK<br>KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKRFFYSNIMNFFKTEVKL<br>ANGEIRKRPLIETNGETGEVVWNKEKDFATVRKVLAMPQVNIVKKTEVQTG<br>GFSKESILSKRESAKLIPRKKGWDTRKYGGFGSPTVAYSILVVAKVEKGKAKKL<br>KSVKVLVGITIMEKGSYEKDPIGFLEAKGYKDIKKELIFKLPKYSLFELENGRRR<br>MLASATELQKANELVLPQHLVRLLYYTQNISATTGSNNLGYIEQHREEFKEIF<br>EKIIDFSEKYILKNKVNSNLKSSFDEQFAVSDSILLSNSFVSLLKYTSFGASGGFT<br>FLDLDVKQGRLRYQTVTEVLDATLIYQSITGLYETRTDLSQLGGD | 9,022 | N872A | H849A | D10A |
| ScaCas9-HiFi-Sc++ | ストレプトコッカス・カニス<br>(Streptococcus canis) | MEKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALL<br>FDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIRYLQEIFANEMAKLDDSFFQRLEESF<br>LVEEDKKNERHPIFGNLADEVAYHRNYPTIYHLRKKLADSPEKADLRLIYLALA<br>HIIKFRGHFLIEGKLNAENSDVAKLFYQLIQTYNQLFEESPLDEIEVDAKGILSA<br>RLSKSKRLEKLIAVFPNEKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNFDLTEDAKLQLSKD<br>TYDDDLDELLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILRSNSEVTKAPLSASMV<br>KRYDEHHQDLALLKTLVRQQFPEKYAEIFKDDTKNGYAGYVGADKKLRKRS<br>GKLATEEEFYKFIKPILEKMDGAEELLAKLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLK<br>ELHAILRRQEEFYPFLKENREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWLTRKSEEA<br>ITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSLLYEYFTVYNEL<br>TKVKYVTERMRKPEFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS<br>VEIIGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE<br>ERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRHYTGWGRLSRKMINGIRDKQSGKTILDFLKS<br>DGFSNANFMQLIHDDSLTFKEEIEKAQVSGQGDSLHEQIADLAGSPAIKKGIL | 9,023 | N872A | H849A | D10A |

【０４０７】

【表８－１０】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | QTVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTTKGLQQSRERKKRIEEGIKELE<br>SQILKENPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVP<br>QSFIKDDSIDNKVLTRSVENRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQ<br>RKFDNLTKAERGGLSEADKAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKN<br>DKPIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQLYKVRDINNYHHAHDAYLNAVVGTALIK<br>KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKRFFYSNIMNFFKTEVKL<br>ANGEIRKRPLIETNGETGEVVWNKEKDFATVRKVLAMPQVNIVKKTEVQTG<br>GFSKESILSKRESAKLIPRKKGWDTRKYGGFGSPTVAYSILVVAKVEKGKAKKL<br>KSVKVLVGITIMEKGSYEKDPIGFLEAKGYKDIKKELIFKLPKYSLFELENGRRR<br>MLASAKELQKANELVLPQHLVRLLYYTQNISATTGSNNLGYIEQHREEFKEIF<br>EKIIDFSEKYILKNKVNSNLKSSFDEQFAVSDSILLSNSFVSLLKYTSFGASGGFT<br>FLDLDVKQGRLRYQTVTEVLDATLIYQSITGLYETRTDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-3var-NRRH | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MVKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEE<br>FYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQ<br>GDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRLRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN<br>FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKGNSDKLIARKKDWDPKKYGGFNSPTAAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIGFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>AGVLHKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE<br>IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGVPAA<br>FKYFDTTIDKKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,024 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-3var-NRTH | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MVKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEE<br>FYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQ<br>GDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRLRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN<br>FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES | 9,025 | N863A | H840A | D10A |

【０４０８】

【表８－１１】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | ILPKGNSDKLIARKKDWDPKKYGGFNSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIGFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>ASVLHKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSSEDNKQKQLFVEQHKHYLDEI<br>IEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGASAAF<br>KYFDTTIGRKLYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-3var-NRCH | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MVKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEE<br>FYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQ<br>GDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRLRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN<br>FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKGNSDKLIARKKDWDPKKYGGFNSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>AGVLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE<br>IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTINRKQYNTTKEVLDATLIRQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,026 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-HF1 | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF<br>YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ<br>EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV<br>VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ<br>ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>GELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF<br>KYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,027 | N863A | H840A | D10A |

【０４０９】

【表８－１２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9-QQR1 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA RELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF KYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,028 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-SpG | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFLWPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK ELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS AKQLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA FKYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,029 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-VQR | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF | 9,030 | N863A | H840A | D10A |

【０４１０】

【表８－１３】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA GELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF KYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-VRER | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA RELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF KYFDTTIDRKEYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,031 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-xCas | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDTKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKLYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQE DFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEK VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGDQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFIQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV | 9,032 | N863A | H840A | D10A |

【０４１１】

【表８－１４】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | DELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>GVLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF<br>KYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-xCas-NG | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDTKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MIKLYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF<br>YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQE<br>DFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEK<br>VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGDQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFIQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>IRPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>RFLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPRAF<br>KYFDTTIDRKVYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,033 | N863A | H840A | D10A |
| St1Cas9-CNRZ1066 | ストレプトコッカス・サーモフィラス<br>(Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG<br>RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI<br>ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER<br>YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF<br>INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF<br>RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK<br>LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL<br>DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW<br>HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY<br>NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN<br>KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT<br>GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ<br>ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV<br>DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH<br>HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEEQLLDIETGELISDDEYKESVFKA<br>PYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKKDET<br>YVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPNK<br>QMNEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLLGNPIDI<br>TPENSKNKVVLQSLKPWRTDVYFNKATGKYEILGLKYADLQFEKGTGTYKIS<br>QEKYNDIKKKEGVDSDSEFKFTLYKNDLLLVKDTETKEQQLFRFLSRTLPKQK | 9,034 | N622A | H599A | D9A |

【０４１２】

【表８－１５】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | HYVELKPYDKQKFEGGEALIKVLGNVANGGQCIKGLAKSNISIYKVRTDVLG NQHIIKNEGDKPKLDF | | | | |
| St1Cas9-LMG1831 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEEQLLDIETGELISDDEYKESVFKA PYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKKDET YVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPNK QMNEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLLGNPIDI TPENSKNKVVLQSLKPWRTDVYFNKNTGKYEILGLKYADLQFEKKTGTYKISQ EKYNGIMKEEGVDSDSEFKFTLYKNDLLLVKDTETKEQQLFRFLSRTMPNVK YYVELKPYSKDKFEKNESLIEILGSADKSGRCIKGLGKSNISIYKVRTDVLGNQH IIKNEGDKPKLDF | 9,035 | N622A | H599A | D9A |
| St1Cas9-MTH17CL396 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVFK APYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKADE TYVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPN KQINEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLGNHIDIT PKDSNNKVVLQSLKPWRTDVYFNKNTGKYEILGLKYSDMQFEKGTGKYSISK EQYENIKVREGVDENSEFKFTLYKNDLLLLKDSENGEQILLRFTSRNDTSKHYV ELKPYNRQKFEGSEYLIKSLGTVAKGGQCIKGLGKSNISIYKVRTDVLGNQHII KNEGDKPKLDF | 9,036 | N622A | H599A | D9A |
| St1Cas9-TH1477 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ | 9,037 | N622A | H599A | D9A |

【０４１３】

【表８－１６】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV<br>DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH<br>HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVFK<br>APYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKADE<br>TYVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPN<br>KQINEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLGNHIDIT<br>PKDSNNKVVLQSLKPWRTDVYFNKNTGKYEILGLKYSDMQFEKGTGKYSISK<br>EQYENIKVREGVDENSEFKFTLYKNDLLLLKDSENGEQILLRFTSRNDTSKHYV<br>ELKPYNRQKFEGSEYLIKSLGTVVKGGRCIKGLGKSNISIYKVRTDVLGNQHIIK<br>NEGDKPKLDF | | | | |
| sRGN3.1 | スタフィロコッカス属<br>(Staphylococcus spp.) | MNQKFILGLDIGITSVGYGLIDYETKNIIDAGVRLFPEANVENNEGRRSKRGS<br>RRLKRRRIHRLERVKLLLTEYDLINKEQIPTSNNPYQIRVKGLSEILSKDELAIAL<br>LHLAKRRGIHNVDVAADKEETASDSLSTKDQINKNAKFLESRYVCELQKERLE<br>NEGHVRGVENRFLTKDIVREAKKIIDTQMQYYPEIDETFKEKYISLVETRREYF<br>EGPGQGSPFGWNGDLKKWYEMLMGHCTYFPQELRSVKYAYSADLFNALN<br>DLNNLIIQRDNSEKLEYHEKYHIIENVFKQKKKPTLKQIAKEIGVNPEDIKGYRI<br>TKSGTPEFTSFKLFHDLKKVVKDHAILDDIDLLNQIAEILTIYQDKDSIVAELGQ<br>LEYLMSEADKQSISELTGYTGTHSLSLKCMNMIIDELWHSSMNQMEVFTYL<br>NMRPKKYELKGYQRIPTDMIDDAILSPVVKRTFIQSINVINKVIEKYGIPEDIIIE<br>LARENNSDDRKKFINNLQKKNEATRKRINEIIGQTGNQNAKRIVEKIRLHDQ<br>QEGKCLYSLESIPLEDLLNNPNHYEVDHIIPRSVSFDNSYHNKVLVKQSENSK<br>KSNLTPYQYFNSGKSKLSYNQFKQHILNLSKSQDRISKKKKEYLLEERDINKFE<br>VQKEFINRNLVDTRYATRELTNYLKAYFSANNMNVKVKTINGSFTDYLRKV<br>WKFKKERNHGYKHHAEDALIIANADFLFKENKKLKAVNSVLEKPEIETKQLDI<br>QVDSEDNYSEMFIIPKQVQDIKDFRNFKYSHRVDKKPNRQLINDTLYSTRKK<br>DNSTYIVQTIKDIYAKDNTTLKKQFDKSPEKFLMYQHDPRTFEKLEVIMKQYA<br>NEKNPLAKYHEETGEYLTKYSKKNNGPIVKSLKYIGNKLGSHLDVTHQFKSST<br>KKLVKLSIKNYRFDVYLTEKGYKFVTIAYLNVFKKDNYYYIPKDKYQELKEKKKI<br>KDTDQFIASFYKNDLIKLNGDLYKIIGVNSDDRNIIELDYYDIKYKDYCEINNIK<br>GEPRIKKTIGKKTESIEKFTTDVLGNLYLHSTEKAPQLIFKRGL | 9,038 | N585A | H562A | D10A |
| sRGN3.3 | スタフィロコッカス属<br>(Staphylococcus spp.) | MNQKFILGLDIGITSVGYGLIDYETKNIIDAGVRLFPEANVENNEGRRSKRGS<br>RRLKRRRIHRLERVKLLLTEYDLINKEQIPTSNNPYQIRVKGLSEILSKDELAIAL<br>LHLAKRRGIHNVDVAADKEETASDSLSTKDQINKNAKFLESRYVCELQKERLE<br>NEGHVRGVENRFLTKDIVREAKKIIDTQMQYYPEIDETFKEKYISLVETRREYF<br>EGPGQGSPFGWNGDLKKWYEMLMGHCTYFPQELRSVKYAYSADLFNALN<br>DLNNLIIQRDNSEKLEYHEKYHIIENVFKQKKKPTLKQIAKEIGVNPEDIKGYRI<br>TKSGTPEFTSFKLFHDLKKVVKDHAILDDIDLLNQIAEILTIYQDKDSIVAELGQ<br>LEYLMSEADKQSISELTGYTGTHSLSLKCMNMIIDELWHSSMNQMEVFTYL<br>NMRPKKYELKGYQRIPTDMIDDAILSPVVKRTFIQSINVINKVIEKYGIPEDIIIE<br>LARENNSDDRKKFINNLQKKNEATRKRINEIIGQTGNQNAKRIVEKIRLHDQ<br>QEGKCLYSLESIPLEDLLNNPNHYEVDHIIPRSVSFDNSYHNKVLVKQSENSK<br>KSNLTPYQYFNSGKSKLSYNQFKQHILNLSKSQDRISKKKKEYLLEERDINKFE<br>VQKEFINRNLVDTRYATRELTSYLKAYFSANNMDVKVKTINGSFTNHLRKV<br>WRFDKYRNHGYKHHAEDALIIANADFLFKENKKLQNTNKILEKPTIENNTKK<br>VTVEKEEDYNNVFETPKLVEDIKQYRDYKFSHRVDKKPNRQLINDTLYSTRM<br>KDEHDYIVQTITDIYGKDNTNLKKQFNKNPEKFLMYQNDPKTFEKLSIIMKQ<br>YSDEKNPLAKYYEETGEYLTKYSKKNNGPIVKKIKLLGNKVGNHLDVTNKYEN<br>STKKLVKLSIKNYRFDVYLTEKGYKFVTIAYLNVFKKDNYYYIPKDKYQELKEKK<br>KIKDTDQFIASFYKNDLIKLNGDLYKIIGVNSDDRNIIELDYYDIKYKDYCEINNI<br>KGEPRIKKTIGKKTESIEKFTTDVLGNLYLHSTEKAPQLIFKRGL | 9,039 | N585A | H562A | D10A |

【０４１４】

一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、プロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）が、Ｃａｓタンパク質が結合及び／又は機能する対象の標的ＤＮＡ配列内に存在するか又はそれに隣接することが求められる。一部の実施形態では、ＰＡＭは、５’から３’にかけて、ＮＧＧ（配列番号１１，０２４）、ＹＧ（配列番号１１，０２５）、ＮＮＧＲＲＴ（配列番号１１，０２６）、ＮＮＮＲＲＴ（配列番号１１，０２７）、ＮＧＡ（配列番号１１，０２９）、ＴＹＣＶ（配列番号１１，０３０）、ＴＡＴＶ（配列番号１１，０３１）、ＮＴＴＮ（配列番号１１，０３２）、又はＮＮＮＧＡＴＴ（配列番号１１，０３３）であるか又はそれらを含み、ここでＮは任意のヌクレオチドを表し、ＹはＣ又はＴを表し、ＲはＡ又はＧを表し、ＶはＡ又はＣ又はＧを表す。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、表７又は８に列記されるタンパク質である。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、そのＰＡＭを改変する、１つ又は複数の突然変異を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｅ１３６９Ｒ、Ｅ１４４９Ｈ、及びＲ１５５６Ａの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｅ７８２Ｋ、Ｎ９６８Ｋ、及びＲ１０１５Ｈの突然変異又は前記位置に対応するア

ミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｄ１１３５Ｖ、Ｒ１３３５Ｑ、及びＴ１３３７Ｒの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｓ５４２Ｒ及びＫ６０７Ｒの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｓ５４２Ｒ、Ｋ５４８Ｖ、及びＮ５５２Ｒの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。改変されたＰＡＭ配列を認識するためのＣａｓ酵素の改変の例示的な進歩が、全体が参照により本明細書に組み込まれるＣｏｌｌｉａｓ ｅｔ ａｌ Ｎａｔｕｒｅ Ｃｏｍｍｕｎｉｃａｔｉｏｎｓ １２：５５５（２０２１）において概説される。

【０４１５】

一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、触媒的に活性であり、標的ＤＮＡ部位の一方又は両方の鎖を切断する。一部の実施形態では、標的ＤＮＡ部位の切断に続いて、改変、例えば、挿入又は欠失が、例えば、細胞修復機構によって形成される。

【０４１６】

一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、例えば、ヌクレアーゼ欠損Ｃａｓ９のように、ヌクレアーゼを非活性化又は部分的に非活性化するように修飾される。野生型Ｃａｓ９が、ｇＲＮＡによって標的にされる特定のＤＮＡ配列で二本鎖切断（ＤＳＢ）を生成する一方、修飾された機能性を有するいくつかのＣＲＩＳＰＲエンドヌクレアーゼが利用可能であり、例えば部分的に非活性化されているＣａｓ９の「ニッカーゼ」バージョンは、一本鎖切断のみを生成し；触媒的に不活性であるＣａｓ９（「ｄＣａｓ９」）は、標的ＤＮＡを切断しない。一部の実施形態では、ｄＣａｓ９のＤＮＡ配列への結合は、立体障害によってその部位で転写に干渉し得る。一部の実施形態では、ｄＣａｓ９のアンカー配列への結合は、ゲノム複合体（例えば、ＡＳＭＣ）の形成及び／又は維持に干渉（例えば、それを低減又は阻止）し得る。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、触媒的に不活性なＣａｓ９、例えば、ｄＣａｓ９を含む。多数の触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質は、当技術分野で公知である。一部の実施形態では、ｄＣａｓ９は、Ｃａｓタンパク質の各エンドヌクレアーゼドメイン内に、突然変異、例えば、Ｄ１０Ａ及びＨ８４０Ａ又はＮ８６３Ａ突然変異を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性な又は部分的に不活性なＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインは、１つ又は複数の突然変異、例えば、表７に列記される突然変異の１つ又は複数を含むＣａｓタンパク質を含む。一部の実施形態では、表７の所与の行に記載されるＣａｓタンパク質は、表７の同じ行に列記される突然変異の１つ、２つ、３つ、又は全部を含む。一部の実施形態では、例えば、表７に記載されていないＣａｓタンパク質は、表７のある行に列記される突然変異の１つ、２つ、３つ若しくは全部又はそのＣａｓタンパク質中の対応する部位での対応する突然変異を含む。

【０４１７】

一部の実施形態では、強化された活性を有するＣａｓ９誘導体が、遺伝子組換えポリペプチドにおいて使用され得る。一部の実施形態では、Ｃａｓ９誘導体は、ＨＮＨエンドヌクレアーゼドメイン、例えば、ＳｐｙＣａｓ９ Ｒ２２１Ｋ、Ｎ３９４Ｋの活性を改善する突然変異若しくはＲ－ループ形成、例えば、ＳｐｙＣａｓ９ Ｌ１２４５Ｖを改善する突然変異を含み得るか、又はこのような突然変異の組合せ、例えば、ＳｐｙＣａｓ９ Ｒ２２１Ｋ／Ｎ３９４Ｋ、ＳｐｙＣａｓ９ Ｎ３９４Ｋ／Ｌ１２４５Ｖ、ＳｐｙＣａｓ９ Ｒ２２１Ｋ／Ｌ１２４５Ｖ若しくはＳｐｙＣａｓ９ Ｒ２２１Ｋ／Ｎ３９４Ｋ／Ｌ１２４５Ｖを含み得る（例えば、Ｓｐｅｎｃｅｒ ａｎｄ Ｚｈａｎｇ Ｓｃｉ Ｒｅｐ ７：１６８３６（２０１７）を参照、Ｃａｓ９誘導体及びそれに含まれる突然変異が、参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、Ｃａｓ９誘導体は、１つ又は複数のタイプの本明細書に記載される突然変異、例えば、ＰＡＭ修飾突然変異、タンパク質安定化突然変異、活性強化突然変異、及び／又は親酵素（例えば、標的ＤＮＡの一方又は両方の鎖に対するエンドヌクレアーゼ活性をなくす１つ又は複数の突然変異、例えば、ニッカーゼ又は触媒的に不活性な酵素）と比べて１つ若しくは２つのエンドヌクレアーゼドメインを部分的に若しくは完全に不活性化する突然変異を含み得る。一部の実施形態では、

本明細書に記載されるシステムにおいて使用されるＣａｓ９酵素は、触媒効率を改善する突然変異（例えば、ＳｐｙＣａｓ９　Ｒ２２１Ｋ、Ｎ３９４Ｋ、及び／又はＬ１２４５Ｖ）に加えて、酵素に対するニッカーゼ活性を付与する突然変異（例えば、ＳｐｙＣａｓ９Ｎ８６３Ａ又はＨ８４０Ａ）を含み得る。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムにおいて使用されるＣａｓ９酵素は、触媒効率を改善するＲ２２１Ｋ及びＮ３９４Ｋ突然変異に加えて、ニッカーゼ活性を付与するＮ８６３Ａ突然変異を更に含むＳｐｙＣａｓ９酵素又は誘導体である。

【０４１８】

一部の実施形態では、触媒的に不活性な、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１１突然変異（例えば、Ｄ１１Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ９６９突然変異（例えば、Ｈ９６９Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｎ９９５突然変異（例えば、Ｎ９９５Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１１、Ｈ９６９、及びＮ９９５の位置の１つ、２つ若しくは３つでの突然変異（例えば、Ｄ１１Ａ、Ｈ９６９Ａ、及びＮ９９５Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４１９】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１０突然変異（例えば、Ｄ１０Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ５５７突然変異（例えば、Ｈ５５７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１０突然変異（例えば、Ｄ１０Ａ突然変異）及びＨ５５７突然変異（例えば、Ｈ５５７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２０】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ８３９突然変異（例えば、Ｄ８３９Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ８４０突然変異（例えば、Ｈ８４０Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｎ８６３突然変異（例えば、Ｎ８６３Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１０突然変異（例えば、Ｄ１０Ａ）、Ｄ８３９突然変異（例えば、Ｄ８３９Ａ）、Ｈ８４０突然変異（例えば、Ｈ８４０Ａ）、及びＮ８６３突然変異（例えば、Ｎ８６３Ａ）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２１】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｅ９９３突然変異（例えば、Ｅ９９３Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２２】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ９１７突然変異（例えば、Ｄ９１７Ａ

突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｅ１００６突然変異（例えば、Ｅ１００６Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１２５５突然変異（例えば、Ｄ１２５５Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ９１７突然変異（例えば、Ｄ９１７Ａ）、Ｅ１００６突然変異（例えば、Ｅ１００６Ａ）、及びＤ１２５５突然変異（例えば、Ｄ１２５５Ａ）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２３】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１６突然変異（例えば、Ｄ１６Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ５８７突然変異（例えば、Ｄ５８７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、部分的に非活性化されたＣａｓドメインは、ニッカーゼ活性を有する。一部の実施形態では、部分的に非活性化されたＣａｓ９ドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓドメイン又は不活性Ｃａｓドメインは、検出可能な二本鎖切断を形成しない。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ５８８突然変異（例えば、Ｈ５８８Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｎ６１１突然変異（例えば、Ｎ６１１Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１６突然変異（例えば、Ｄ１６Ａ）、Ｄ５８７突然変異（例えば、Ｄ５８７Ａ）、Ｈ５８８突然変異（例えば、Ｈ５８８Ａ）、及びＮ６１１突然変異（例えば、Ｎ６１１Ａ）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２４】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメイン又はエンドヌクレアーゼドメインは、ｇＲＮＡ（例えば、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡ）を含むか又はそれに（例えば共有結合的に）連結されたＣａｓ分子を含み得る。

【０４２５】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｐｙｏｇｅｎｅｓ）Ｃａｓ９（ＳｐＣａｓ９）又はその機能性断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、修飾ＳｐＣａｓ９を含む。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、プロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）特異性を改変する修飾を含む。複数の実施形態では、ＰＡＭは、核酸配列５’－ＮＧＴ－３’に対する特異性を有する。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、例えば、以下：Ｌ１１１１、Ｄ１１３５、Ｇ１２１８、Ｅ１２１９、Ａ１３２２、又はＲ１３３５の１つ若しくは複数の位置に、１つ若しくは複数のアミノ酸置換を含み、それは、例えば、以下：Ｌ１１１１Ｒ、Ｄ１１３５Ｖ、Ｇ１２１８Ｒ、Ｅ１２１９Ｆ、Ａ１３２２Ｒ、Ｒ１３３５Ｖから選択される。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、アミノ酸置換Ｔ１３３７Ｒと、以下：Ｌ１１１１、Ｄ１１３５Ｌ、Ｓ１１３６Ｒ、Ｇ１２１８Ｓ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｄ１３３２Ａ、Ｄ１３３２Ｓ、Ｄ１３３２Ｔ、Ｄ１３３２Ｖ、Ｄ１３３２Ｌ、Ｄ１３３２Ｋ、Ｄ１３３２Ｒ、Ｒ１３３５Ｑ、Ｔ１３３７、Ｔ１３３７Ｌ、Ｔ１３３７Ｑ、Ｔ１３３７Ｉ、Ｔ１３３７Ｖ、Ｔ１３３７Ｆ、Ｔ１３３７Ｓ、Ｔ１３３７Ｎ、Ｔ１３３７Ｋ、Ｔ１３３７Ｈ、Ｔ１３３７Ｑ

、及びＴ１３３７Ｍ、又はそれらに対応するアミノ酸置換から選択される１つ若しくは複数の別のアミノ酸置換を含む。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、以下：（ｉ）以下：Ｄ１１３５Ｌ、Ｓ１１３６Ｒ、Ｇ１２１８Ｓ、Ｅ１２１９Ｖ、Ａ１３２２Ｒ、Ｒ１３３５Ｑ、及びＴ１３３７から選択される１つ若しくは複数のアミノ酸置換；並びに（ｉｉ）以下：Ｌ１１１１Ｒ、Ｇ１２１８Ｒ、Ｅ１２１９Ｆ、Ｄ１３３２Ａ、Ｄ１３３２Ｓ、Ｄ１３３２Ｔ、Ｄ１３３２Ｖ、Ｄ１３３２Ｌ、Ｄ１３３２Ｋ、Ｄ１３３２Ｒ、Ｔ１３３７Ｌ、Ｔ１３３７Ｉ、Ｔ１３３７Ｖ、Ｔ１３３７Ｆ、Ｔ１３３７Ｓ、Ｔ１３３７Ｎ、Ｔ１３３７Ｋ、Ｔ１３３７Ｒ、Ｔ１３３７Ｈ、Ｔ１３３７Ｑ、及びＴ１３３７Ｍ、又はそれらに対応するアミノ酸置換から選択される１つ若しくは複数の別のアミノ酸置換を含む。

【０４２６】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓ９ドメインを含む。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ヌクレアーゼ活性Ｃａｓドメイン、Ｃａｓニッカーゼ（ｎＣａｓ）ドメイン、又はヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ（ｄＣａｓ）を含む。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９ドメイン、Ｃａｓ９ニッカーゼ（ｎＣａｓ９）ドメイン、又はヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９（ｄＣａｓ）を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ９のＣａｓ９ドメイン（例えば、ｄＣａｓ９及びｎＣａｓ９）、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、又はＣａｓ１２ｉを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ９（例えば、ｄＣａｓ９及びｎＣａｓ９）、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、又はＣａｓ１２ｉを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）若しくはＳ．サーモフィラス（Ｓ．ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）Ｃａｓ９、又はその機能性断片を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、例えば、Ｃｈｙｌｉｎｓｋｉ，Ｒｈｕｎ，ａｎｄ Ｃｈａｒｐｅｎｔｉｅｒ（２０１３）ＲＮＡ Ｂｉｏｌｏｇｙ １０：５，７２６－７３７（参照により本明細書に組み込まれる）に記載されているように、Ｃａｓ９配列を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ、例えば、本明細書に記載されるように、Ｃａｓ９、又はその変異体のＨＮＨヌクレアーゼサブドメイン及び／又はＲｕｖＣ１サブドメインを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、又はＣａｓ１２ｉを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓポリペプチド（例えば、酵素）、又はその機能性断片を含む。複数の実施形態では、Ｃａｓポリペプチド（例えば酵素）は、以下：Ｃａｓ１、Ｃａｓ１Ｂ、Ｃａｓ２、Ｃａｓ３、Ｃａｓ４、Ｃａｓ５、Ｃａｓ５ｄ、Ｃａｓ５ｔ、Ｃａｓ５ｈ、Ｃａｓ５ａ、Ｃａｓ６、Ｃａｓ７、Ｃａｓ８、Ｃａｓ８ａ、Ｃａｓ８ｂ、Ｃａｓ８ｃ、Ｃａｓ９（例えば、Ｃｓｎ１若しくはＣｓｘ１２）、Ｃａｓ１０、Ｃａｓ１０ｄ、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、Ｃａｓ１２ｉ、Ｃｓｙ１、Ｃｓｙ２、Ｃｓｙ３、Ｃｓｙ４、Ｃｓｅ１、Ｃｓｅ２、Ｃｓｅ３、Ｃｓｅ４、Ｃｓｅ５ｅ、Ｃｓｃ１、Ｃｓｃ２、Ｃｓａ５、Ｃｓｎ１、Ｃｓｎ２、Ｃｓｍ１、Ｃｓｍ２、Ｃｓｍ３、Ｃｓｍ４、Ｃｓｍ５、Ｃｓｍ６、Ｃｍｒ１、Ｃｍｒ３、Ｃｍｒ４、Ｃｍｒ５、Ｃｍｒ６、Ｃｓｂ１、Ｃｓｂ２、Ｃｓｂ３、Ｃｓｘ１７、Ｃｓｘ１４、Ｃｓｘ１０、Ｃｓｘ１６、ＣｓａＸ、Ｃｓｘ３、Ｃｓｘ１、Ｃｓｘ１Ｓ、Ｃｓｘ１１、Ｃｓｆ１、Ｃｓｆ２、ＣｓＯ、Ｃｓｆ４、Ｃｓｄ１、Ｃｓｄ２、Ｃｓｔ１、Ｃｓｔ２、Ｃｓｈ１、Ｃｓｈ２、Ｃｓａ１、Ｃｓａ２、Ｃｓａ３、Ｃｓａ４、Ｃｓａ５、ＩＩ型Ｃａｓ

エフェクタータンパク質、Ｖ型Ｃａｓエフェクタータンパク質、ＶＩ型Ｃａｓエフェクタータンパク質、ＣＡＲＦ、ＤｉｎＧ、Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、ＳｐＣａｓ９（Ｋ８５５Ａ）、ｅＳｐＣａｓ９（１．１）、ＳｐＣａｓ９－ＨＦ１、超精密（ｈｙｐｅｒ ａｃｃｕｒａｔｅ）Ｃａｓ９変異体（ＨｙｐａＣａｓ９）、それらの相同体、それらの修飾若しくは操作バージョン、及び／又はそれらの機能性断片から選択される。複数の実施形態では、Ｃａｓ９は、例えば、以下：Ｈ８４０Ａ、Ｄ１０Ａ、Ｐ４７５Ａ、Ｗ４７６Ａ、Ｎ４７７Ａ、Ｄ１１２５Ａ、Ｗ１１２６Ａ、及びＤ１１２７Ａから選択される１つ又は複数の置換を含む。複数の実施形態では、Ｃａｓ９は、以下：Ｄ１０、Ｇ１２、Ｇ１７、Ｅ７６２、Ｈ８４０、Ｎ８５４、Ｎ８６３、Ｈ９８２、Ｈ９８３、Ａ９８４、Ｄ９８６、及び／又はＡ９８７から選択される位置に１つ若しくは複数の突然変異、例えば、以下：Ｄ１０Ａ、Ｇ１２Ａ、Ｇ１７Ａ、Ｅ７６２Ａ、Ｈ８４０Ａ、Ｎ８５４Ａ、Ｎ８６３Ａ、Ｈ９８２Ａ、Ｈ９８３Ａ、Ａ９８４Ａ、及び／又はＤ９８６Ａから選択される１つ若しくは複数の置換を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、以下：コリネバクテリウム・ウルセランス（Ｃｏｒｙｎｅｂａｃｔｅｒｉｕｍ ｕｌｃｅｒａｎｓ）、ジフテリア菌（Ｃｏｒｙｎｅｂａｃｔｅｒｉｕｍ ｄｉｐｈｔｈｅｒｉａ）、スピロプラズマ・シルフィディコーラ（Ｓｐｉｒｏｐｌａｓｍａ ｓｙｒｐｈｉｄｉｃｏｌａ）、プレボテーラ・インターメディア（Ｐｒｅｖｏｔｅｌｌａ ｉｎｔｅｒｍｅｄｉａ）、スピロプラズマ・タイワネンス（Ｓｐｉｒｏｐｌａｓｍａ ｔａｉｗａｎｅｎｓｅ）、ストレプトコッカス・イニエ（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｉｎｉａｅ）、ベルリエラ・バルティカ（Ｂｅｌｌｉｅｌｌａ ｂａｌｔｉｃａ）、サイクロフレクサス・トークイス（Ｐｓｙｃｈｒｏｆｌｅｘｕｓ ｔｏｒｑｕｉｓ）、スタフィロコッカス・サーモフィラス（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）、リステリア・イノキュア（Ｌｉｓｔｅｒｉａ ｉｎｎｏｃｕａ）、カンピロバクター・ジェジュニ（Ｃａｍｐｙｌｏｂａｃｔｅｒ ｊｅｊｕｎｉ）、髄膜炎菌（Ｎｅｉｓｓｅｒｉａ ｍｅｎｉｎｇｉｔｉｄｉｓ）、化膿性レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｐｙｏｇｅｎｅｓ）若しくは黄色ブドウ球菌（Ｓｔａｐｈｙｌｏｃｏｃｃｕｓ ａｕｒｅｕｓ）、又はその機能性断片若しくは変異体に由来するＣａｓ（例えば、Ｃａｓ９）配列を含む。

【０４２７】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、例えば、位置：Ｄ９１７、Ｅ１００６Ａ、Ｄ１２５５又はそれらの任意の組合せに、例えば、以下：Ｄ９１７Ａ、Ｅ１００６Ａ、Ｄ１２５５Ａ、Ｄ９１７Ａ／Ｅ１００６Ａ、Ｄ９１７Ａ／Ｄ１２５５Ａ、Ｅ１００６Ａ／Ｄ１２５５Ａ、及びＤ９１７Ａ／Ｅ１００６Ａ／Ｄ１２５５Ａから選択される、１つ若しくは複数の置換を含む、Ｃｐｆ１ドメインを含む。

【０４２８】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ｓｐＣａｓ９、ｓｐＣａｓ９－ＶＲＱＲ（配列番号５０１９）、ｓｐＣａｓ９－ＶＲＥＲ（配列番号５０２０）、ｘＣａｓ９（ｓｐ）、ｓａＣａｓ９、ｓａＣａｓ９－ＫＫＨ、ｓｐＣａｓ９－ＭＱＫＳＥＲ（配列番号５０２１）、ｓｐＣａｓ９－ＬＲＫＩＱＫ（配列番号５０２２）、又はｓｐＣａｓ９－ＬＲＶＳＱＬ（配列番号５０２３）を含む。

【０４２９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓ９ニッカーゼ、例えば、Ｃａｓ９　Ｈ８４０Ａを含むエンドヌクレアーゼドメインを有する。複数の実施形態では、Ｃａｓ９　Ｈ８４０Ａは、以下のアミノ酸配列を有する。

Ｃａｓ９ニッカーゼ（Ｈ８４０Ａ）：

【化７】

DKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKR
TARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEK
YPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLF
EENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA
KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDE
HHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVK
LNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGN
SRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNE
LTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRF
NASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLK
RRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERM
KRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSF
LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLS
ELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYF
FYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQT
GGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGI
TIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKY
VNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKH
RDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQL
GGD ( 配列番号 : 11,001)

【０４３０】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｄ１０Ａ及び／又はＨ８４０Ａ突然変異を含むｄＣａｓ９配列、例えば、以下の配列を含む。

【化８】

SMDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRL
KRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYH
EKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQ
LFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAED
AKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYD
EHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLV
KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARG
NSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYN
ELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRF
NASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLK
RRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERM
KRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSF
LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLS
ELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYF
FYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQT
GGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGI
TIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKY
VNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKH
RDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQL
GGD ( 配列番号 : 5007)

【０４３１】

ＴＡＬエフェクター及びジンクフィンガーヌクレアーゼ

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ＴＡＬエフェクター分子を含む。ＴＡＬエフェクター分子、例えば、ＤＮＡ配列に特異的に結合するＴＡＬエフェクター分子は、典型的に、複数のＴＡＬエフェクタードメイン又はそれらの断片及び任意選択で天然に存在するＴＡＬエフェクターの１つ又は複数の更なる部分（例えば、複数のＴＡＬエフェクタードメインのＮ末端及び／又はＣ末端）を含む。多くのＴＡＬエフェクターは、当業者に公知であり、例えば、Ｔｈｅｒｍｏ　Ｆｉｓｈｅｒ　Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃから市販されている。

【０４３２】

天然に存在するＴＡＬＥは、宿主植物における遺伝子発現を調節し、細菌の定着及び生存を促進する、植物病原体ザントモナス（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ）を含む、極めて多数の細菌性病原体の種によって分泌される天然エフェクタータンパク質である。ＴＡＬエフェクターの特異的結合は、典型的に、３３又は３４アミノ酸のタンデムに配列されたほぼ同一のリピートの中央のリピートドメイン（反復可変二残基、ＲＶＤドメイン）に基づく。

【０４３３】

ＴＡＬエフェクターファミリーのメンバーは、主に、それらのリピートの数及び順序が異なる。リピートの数は、典型的に、１．５～３３．５リピートの範囲であり、Ｃ末端リピートは通常、長さがより短く（例えば、約２０アミノ酸）、一般に「ハーフリピート」と称される。ＴＡＬエフェクターの各リピートは、一般に、異なる塩基対特異性を示す異なるリピート型との１リピート対１塩基対相関を特徴とする（１リピートが標的遺伝子配列上の１塩基対を認識する）。一般に、リピートの数が減少すると、タンパク質－ＤＮＡ相互作用が減弱する。いくつかの６．５リピートが、リポータ遺伝子の転写を活性化するのに十分であることが明らかにされている（Ｓｃｈｏｌｚｅ　ｅｔ　ａｌ．，２０１０）。

【０４３４】

リピート間の変動は、主にアミノ酸位置１２及び１３で起こり、それ故、例示的な反復可変二残基（ＲＶＤ）及び核酸塩基標的に対するそれらの対応を列記する表９に示すように、「超可変」と称されており、標的ＤＮＡプロモータ配列との相互作用の特異性に関与

する。

【０４３５】

【表９】

表9 - RVD及び核酸塩基特異性

| 標的 | 可能なRVDアミノ酸組合せ | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| A | NI | NN | CI | HI | KI | | | | | | | | |
| G | NN | GN | SN | VN | LN | DN | QN | EN | HN | RH | NK | AN | FN |
| C | HD | RD | KD | ND | AD | | | | | | | | |
| T | NG | HG | VG | IG | EG | MG | YG | AA | EP | VA | QG | KG | RG |

【０４３６】

従って、ＴＡＬエフェクターのリピートを修飾し、特定のＤＮＡ配列を標的にすることは可能である。更に、試験では、ＲＶＤ　ＮＫがＧを標的にし得ることが明らかにされている。更に、ＴＡＬエフェクターの標的部位は、第１のリピートによって標的にされる５’塩基に隣接するＴを含む傾向があるが、この認識の正確な機構は未知である。１１３を超えるＴＡＬエフェクター配列が、現在まで公知である。ザントモナス（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ）からのＴＡＬエフェクターの非限定的な例として、Ｈａｘ２、Ｈａｘ３、Ｈａｘ４、ＡｖｒＸａ７、ＡｖｒＸａ１０及びＡｖｒＢｓ３が挙げられる。

【０４３７】

従って、本明細書に記載のＴＡＬエフェクター分子のＴＡＬエフェクタードメインは、任意の細菌種（例えば、ザントモナス・オリゼ・パソバー・オリゼ（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ　ｏｒｙｚａｅ　ｐｖ．Ｏｒｙｚａｅ）のアフリカ株（Ｙｕ　ｅｔ　ａｌ．２０１１）、ザントモナス・キャンペストリス・パソバー・ラファニ（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ　ｃａｍｐｅｓｔｒｉｓ　ｐｖ．ｒａｐｈａｎｉ）株７５６Ｃ及びイネ白葉枯病菌（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ　ｏｒｙｚａｅ　ｐｖ．ｏｒｙｚｉｃｏｌａ）ＢＬＳ２５６（Ｂｏｇｄａｎｏｖｅ　ｅｔ　ａｌ．２０１１）などのザントモナス（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ）種）からのＴＡＬエフェクターに由来し得る。一部の実施形態では、ＴＡＬエフェクタードメインは、やはり天然に存在するＴＡＬエフェクターからのＲＶＤドメイン及び隣接配列（ＲＶＤドメインのＮ末端側及び／又はＣ末端側の配列）を含む。それは、天然に存在するＴＡＬエフェクターのＲＶＤよりも多い又は少ないリピートを含み得る。ＴＡＬエフェクター分子は、当技術分野で公知の上記コードやその他に基づく所与のＤＮＡ配列を標的にするように設計され得る。ＴＡＬエフェクタードメイン（例えば、リピート（単量体又はモジュール））の数及びそれらの特定の配列は、所望のＤＮＡ標的配列に基づいて選択され得る。例えば、ＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピートは、特定の標的配列に適するように除去又は付加され得る。ある実施形態では、本発明のＴＡＬエフェクター分子は、６．５～３３．５のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピートを含む。ある実施形態では、本発明のＴＡＬエフェクター分子は、８～３３．５のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピート、例えば、１０～２５のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピート、例えば、１０～１４のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピートを含む。

【０４３８】

一部の実施形態では、ＴＡＬエフェクター分子は、ＤＮＡ標的配列との完全一致に対応するＴＡＬエフェクタードメインを含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ標的配列上のリピートと標的塩基対との間のミスマッチは、ＴＡＬエフェクター分子を含むポリペプチドの機能を可能にする限り、許容される。一般に、ＴＡＬＥ結合は、ミスマッチの数と逆相関する。一部の実施形態では、本発明のポリペプチドのＴＡＬエフェクター分子は、標的ＤＮＡ配列との、多くて７つのミスマッチ、６つのミスマッチ、５つのミスマッチ、４つの

ミスマッチ、３つのミスマッチ、２つのミスマッチ、又は１つのミスマッチを含み、及び任意選択でミスマッチを含まない。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一般に、ＴＡＬエフェクター分子のＴＡＬエフェクタードメインの数の減少に応じて、ミスマッチの数が減少することは、許容されるばかりか、ＴＡＬエフェクター分子を含むポリペプチドの機能を可能にすることになる。結合親和性は、一致するリピート－ＤＮＡの組合せの和に依存すると考えられる。例えば、２５又はそれ以上のＴＡＬエフェクタードメインを有するＴＡＬエフェクター分子は、最大で７つのミスマッチを許容可能であり得る。

【０４３９】

ＴＡＬエフェクタードメインに加えて、本発明のＴＡＬエフェクター分子は、天然に存在するＴＡＬエフェクターに由来する更なる配列を含み得る。ＴＡＬエフェクター分子のＴＡＬエフェクタードメイン部分の両側に含まれるＣ末端及び／又はＮ末端配列の長さは、変動し、例えば、Ｚｈａｎｇ ｅｔ ａｌ．（２０１１）の試験に基づき、当業者によって選択され得る。Ｚｈａｎｇらは、Ｈａｘ３由来のＴＡＬエフェクターに基づくタンパク質中のいくつかのＣ末端及びＮ末端の切断変異体を特徴づけており、標的配列との最適な結合、ひいては転写の活性化に寄与する主要な要素を同定している。一般に、転写活性がＮ末端の長さと逆相関することが見出された。Ｃ末端に関しては、Ｈａｘ３配列の最初の６８アミノ酸中のＤＮＡ結合残基における重要な要素が同定された。従って、一部の実施形態では、天然に存在するＴＡＬエフェクターのＴＡＬエフェクタードメインのＣ末端側の最初の６８アミノ酸は、ＴＡＬエフェクター分子中に含まれる。従って、ある実施形態では、ＴＡＬエフェクター分子は、１）天然に存在するＴＡＬエフェクターに由来する１つ又は複数のＴＡＬエフェクタードメイン；２）ＴＡＬエフェクタードメインのＮ末端側の天然に存在するＴＡＬエフェクターからの少なくとも７０、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７０、１８０、１９０、２００、２２０、２３０、２４０、２５０、２６０、２７０、２８０若しくはそれ以上のアミノ酸；及び／又は３）ＴＡＬエフェクタードメインのＣ末端側の天然に存在するＴＡＬエフェクターからの少なくとも６８、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７０、１８０、１９０、２００、２２０、２３０、２４０、２５０、２６０若しくはそれ以上のアミノ酸を含む。

【０４４０】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｚｎフィンガー分子であるか又はそれを含む。Ｚｎフィンガー分子は、Ｚｎフィンガータンパク質、例えば、天然に存在するＺｎフィンガータンパク質若しくは改変されたＺｎフィンガータンパク質、又はその断片を含む。多くのＺｎフィンガータンパク質は、当業者に公知であり、例えば、Ｓｉｇｍａ－Ａｌｄｒｉｃｈから市販されている。

【０４４１】

一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、選択される標的ＤＮＡ配列に結合するように改変される、非天然に存在するＺｎフィンガータンパク質を含む。例えば、Ｂｅｅｒｌｉ，ｅｔ ａｌ．（２００２）Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．２０：１３５－１４１；Ｐａｂｏ，ｅｔ ａｌ．（２００１）Ａｎｎ．Ｒｅｖ．Ｂｉｏｃｈｅｍ．７０：３１３－３４０；Ｉｓａｌａｎ，ｅｔ ａｌ．（２００１）Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．１９：６５６－６６０；Ｓｅｇａｌ，ｅｔ ａｌ．（２００１）Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．１２：６３２－６３７；Ｃｈｏｏ，ｅｔ ａｌ．（２０００）Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｓｔｒｕｃｔ．Ｂｉｏｌ．１０：４１１－４１６；米国特許第６，４５３，２４２号明細書；米国特許第６，５３４，２６１号明細書；米国特許第６，５９９，６９２号明細書；米国特許第６，５０３，７１７号明細書；米国特許第６，６８９，５５８号明細書；米国特許第７，０３０，２１５号明細書；米国特許第６，７９４，１３６号明細書；米国特許第７，０６７，３１７号明細書；米国特許第７，２６２，０５４号明細書；米国特許第７，０７０，９３４号明細書；米国特許第７，３６１，６３５号明細書；米国特許第７，２５３，２７３号明細書；及び米国特許出願公開第２００５／００６４４７４号明細書；米国特許出願公開第２００７／０２１８５２８号明細書；米国

特許出願公開第２００５／０２６７０６１号明細書（全てはそれらの全体が参照により本明細書に組み込まれる）を参照されたい。

【０４４２】

改変されたＺｎフィンガータンパク質は、天然に存在するＺｎフィンガータンパク質と比較して、新規な結合特異性を有し得る。改変方法として、限定はしないが、合理的な設計及び様々なタイプの選択が挙げられる。合理的な設計は、例えば、三つ組（又は四つ組）ヌクレオチド配列及び個別のＺｎフィンガーアミノ酸配列を含むデータベースの使用を含み、それぞれの三つ組又は四つ組ヌクレオチド配列は、特定の三つ組又は四つ組配列に結合するＺｎフィンガーの１つ又は複数のアミノ酸配列と会合する。例えば、米国特許第６，４５３，２４２号明細書及び米国特許第６，５３４，２６１号明細書（それらの全体が参照により本明細書に組み込まれる）を参照されたい。

【０４４３】

ファージディスプレイ及びツーハイブリッドシステムを含む例示的な選択方法は、米国特許第５，７８９，５３８号明細書；米国特許第５，９２５，５２３号明細書；米国特許第６，００７，９８８号明細書；米国特許第６，０１３，４５３号明細書；米国特許第６，４１０，２４８号明細書；米国特許第６，１４０，４６６号明細書；米国特許第６，２００，７５９号明細書；及び米国特許第６，２４２，５６８号明細書；並びに国際特許公開の国際公開第９８／３７１８６号パンフレット；国際公開第９８／５３０５７号パンフレット；国際公開第００／２７８７８号パンフレット；並びに国際公開第０１／８８１９７号パンフレット及び英国特許第２，３３８，２３７号明細書に開示されている。更に、Ｚｎフィンガータンパク質における結合特異性の増加については、例えば、国際特許公開の国際公開第０２／０７７２２７号パンフレットに記載されている。

【０４４４】

更に、これらや他の参考文献に開示のとおり、Ｚｎフィンガードメイン及び／又は多指型（ｍｕｌｔｉ－ｆｉｎｇｅｒｅｄ）Ｚｎフィンガータンパク質は、例えば、５又はそれ以上のアミノ酸長のリンカーを含む、任意の好適なリンカー配列を用いて、一緒に連結され得る。６又はそれ以上のアミノ酸長の例示的なリンカー配列については、米国特許第６，４７９，６２６号明細書；米国特許第６，９０３，１８５号明細書；及び米国特許第７，１５３，９４９号明細書も参照されたい。本明細書に記載のタンパク質は、タンパク質の個別のＺｎフィンガー間の好適なリンカーの任意の組合せを含み得る。更に、Ｚｎフィンガー結合ドメインにおける結合特異性の増加については、例えば、共同所有された国際特許公開の国際公開第０２／０７７２２７号パンフレットに記載されている。

【０４４５】

融合タンパク質（及びそれをコードするポリヌクレオチド）の設計及び構築のためのＺｎフィンガーのタンパク質及び方法は、当業者に公知であり、米国特許第６，１４０，０８１５号明細書；米国特許第７８９，５３８号明細書；米国特許第６，４５３，２４２号明細書；米国特許第６，５３４，２６１号明細書；米国特許第５，９２５，５２３号明細書；米国特許第６，００７，９８８号明細書；米国特許第６，０１３，４５３号明細書；及び米国特許第６，２００，７５９号明細書；国際特許公開の国際公開第９５／１９４３１号パンフレット；国際公開第９６／０６１６６号パンフレット；国際公開第９８／５３０５７号パンフレット；国際公開第９８／５４３１１号パンフレット；国際公開第００／２７８７８号パンフレット；国際公開第０１／６０９７０号パンフレット；国際公開第０１／８８１９７号パンフレット；国際公開第０２／０９９０８４号パンフレット；国際公開第９８／５３０５８号パンフレット；国際公開第９８／５３０５９号パンフレット；国際公開第９８／５３０６０号パンフレット；国際公開第０２／０１６５３６号パンフレット；及び国際公開第０３／０１６４９６号パンフレットに詳述されている。

【０４４６】

更に、これらや他の参考文献に開示のとおり、Ｚｎフィンガータンパク質及び／又は多指型Ｚｎフィンガータンパク質は、例えば、５又はそれ以上のアミノ酸長のリンカーを含む、任意の好適なリンカー配列を用いて、例えば、融合タンパク質として、一緒に連結さ

れ得る。６又はそれ以上のアミノ酸長の例示的なリンカー配列については、米国特許第６，４７９，６２６号明細書；米国特許第６，９０３，１８５号明細書；及び米国特許第７，１５３，９４９号明細書も参照されたい。本明細書に記載のＺｎフィンガー分子は、Ｚｎフィンガー分子の個別のＺｎフィンガータンパク質及び／又は多指型Ｚｎフィンガータンパク質間の好適なリンカーの任意の組合せを含み得る。

【０４４７】

特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメイン又はエンドヌクレアーゼドメインは、標的ＤＮＡ配列に（配列特異的様式で）結合する改変されたＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子を含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、１つのＺｎフィンガータンパク質又はその断片を含む。他の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、複数のＺｎフィンガータンパク質（又はその断片）、例えば、２、３、４、５、６又はそれ以上のＺｎフィンガータンパク質（及び任意選択で多くて１２、１１、１０、９、８、７、６、５、４、３、又は２つのＺｎフィンガータンパク質）を含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、少なくとも３つのＺｎフィンガータンパク質を含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、４、５又は６つのフィンガーを含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、８、９、１０、１１又は１２のフィンガーを含む。一部の実施形態では、３つのＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子は、９又は１０ヌクレオチドを含む標的ＤＮＡ配列を認識する。一部の実施形態では、４つのＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子は、１２～１４ヌクレオチドを含む標的ＤＮＡ配列を認識する。一部の実施形態では、６つのＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子は、１８～２１ヌクレオチドを含む標的ＤＮＡ配列を認識する。

【０４４８】

一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、両手式のＺｎフィンガータンパク質を含む。両手式のＺｎフィンガータンパク質は、２つのＺｎフィンガードメインが２つの不連続な標的ＤＮＡ配列に結合するように、Ｚｎフィンガータンパク質の２つのクラスターが介在性アミノ酸によって分離されたタンパク質である。両手型のＺｎフィンガー結合タンパク質の例として、４つのＺｎフィンガータンパク質のクラスターがそのタンパク質のアミノ末端に位置し、３つのＺｎフィンガータンパク質のクラスターがカルボキシル末端に位置する場合のＳＩＰ１が挙げられる（Ｒｅｍａｄｅ，ｅｔ　ａｌ．（１９９９）ＥＭＢＯ　Ｊｏｕｒｎａｌ　１８（１８）：５０７３－５０８４を参照されたい）。これらのタンパク質におけるＺｎフィンガーの各クラスターは、固有の標的配列に結合可能であり、２つの標的配列間の間隔は、多数のヌクレオチドを含み得る。

【０４４９】

リンカー

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカー、例えば、ペプチドリンカー、例えば、表１又は表１０に記載されるリンカーを含み得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の方向に、Ｃａｓドメイン（例えば、表８のＣａｓドメイン）、表１０のリンカー（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する配列）、及びＲＴドメイン（例えば、表６のＲＴドメイン）を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、エンドヌクレアーゼとＲＴドメインとの間のフレキシブルリンカー、例えばアミノ酸配列ＳＧＧＳＳＧＧＳＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳＳＧＧＳＳＧＧＳＳ（配列番号１１，００２）を含むリンカーを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、エンドヌクレアーゼドメインに対してＣ末端に位置し得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、エンドヌクレアーゼドメインに対してＮ末端に位置し得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む。

【０４５０】

【表１０－１】

*表10. 例示的なリンカー配列*

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GGS | 5101 |
| GGSGGS | 5102 |
| GGSGGSGGS | 5103 |
| GGSGGSGGSGGS | 5104 |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 5105 |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 5106 |
| GGGGS | 5107 |
| GGGGSGGGGS | 5108 |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 5109 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 5110 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 5111 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 5112 |
| GGG | 5113 |
| GGGG | 5114 |
| GGGGG | 5115 |
| GGGGGG | 5116 |
| GGGGGGG | 5117 |
| GGGGGGGG | 5118 |
| GSS | 5119 |

【０４５１】

【表１０－２】

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GSSGSS | 5120 |
| GSSGSSGSS | 5121 |
| GSSGSSGSSGSS | 5122 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 5123 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 5124 |
| EAAAK | 5125 |
| EAAAKEAAAK | 5126 |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 5127 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 5128 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 5129 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 5130 |
| PAP | 5131 |
| PAPAP | 5132 |
| PAPAPAP | 5133 |
| PAPAPAPAP | 5134 |
| PAPAPAPAPAP | 5135 |
| PAPAPAPAPAPAP | 5136 |
| GGSGGG | 5137 |
| GGGGGS | 5138 |
| GGSGSS | 5139 |
| GSSGGS | 5140 |
| GGSEAAAK | 5141 |
| EAAAKGGS | 5142 |
| GGSPAP | 5143 |
| PAPGGS | 5144 |
| GGGGSS | 5145 |
| GSSGGG | 5146 |
| GGGEAAAK | 5147 |
| EAAAKGGG | 5148 |
| GGGPAP | 5149 |
| PAPGGG | 5150 |
| GSSEAAAK | 5151 |
| EAAAKGSS | 5152 |
| GSSPAP | 5153 |
| PAPGSS | 5154 |
| EAAAKPAP | 5155 |
| PAPEAAAK | 5156 |
| GGSGGGGSS | 5157 |

【０４５２】

【表１０－３】

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GGSGSSGGG | 5158 |
| GGGGGSGSS | 5159 |
| GGGGSSGGS | 5160 |
| GSSGGSGGG | 5161 |
| GSSGGGGGS | 5162 |
| GGSGGGEAAAK | 5163 |
| GGSEAAAKGGG | 5164 |
| GGGGGSEAAAK | 5165 |
| GGGEAAAKGGS | 5166 |
| EAAAKGGSGGG | 5167 |
| EAAAKGGGGGS | 5168 |
| GGSGGGPAP | 5169 |
| GGSPAPGGG | 5170 |
| GGGGGSPAP | 5171 |
| GGGPAPGGS | 5172 |
| PAPGGSGGG | 5173 |
| PAPGGGGGS | 5174 |
| GGSGSSEAAAK | 5175 |
| GGSEAAAKGSS | 5176 |
| GSSGGSEAAAK | 5177 |
| GSSEAAAKGGS | 5178 |
| EAAAKGGSGSS | 5179 |
| EAAAKGSSGGS | 5180 |
| GGSGSSPAP | 5181 |
| GGSPAPGSS | 5182 |
| GSSGGSPAP | 5183 |
| GSSPAPGGS | 5184 |
| PAPGGSGSS | 5185 |
| PAPGSSGGS | 5186 |
| GGSEAAAKPAP | 5187 |
| GGSPAPEAAAK | 5188 |
| EAAAKGGSPAP | 5189 |
| EAAAKPAPGGS | 5190 |
| PAPGGSEAAAK | 5191 |
| PAPEAAAKGGS | 5192 |
| GGGGSSEAAAK | 5193 |
| GGGEAAAKGSS | 5194 |
| GSSGGGEAAAK | 5195 |

【０４５３】

【表１０－５】

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GSSEAAAKGGG | 5196 |
| EAAAKGGGGSS | 5197 |
| EAAAKGSSGGG | 5198 |
| GGGGSSPAP | 5199 |
| GGGPAPGSS | 5200 |
| GSSGGGPAP | 5201 |
| GSSPAPGGG | 5202 |
| PAPGGGGSS | 5203 |
| PAPGSSGGG | 5204 |
| GGGEAAAKPAP | 5205 |
| GGGPAPEAAAK | 5206 |
| EAAAKGGGPAP | 5207 |
| EAAAKPAPGGG | 5208 |
| PAPGGGEAAAK | 5209 |
| PAPEAAAKGGG | 5210 |
| GSSEAAAKPAP | 5211 |
| GSSPAPEAAAK | 5212 |
| EAAAKGSSPAP | 5213 |
| EAAAKPAPGSS | 5214 |
| PAPGSSEAAAK | 5215 |
| PAPEAAAKGSS | 5216 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 5217 |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 5218 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 5219 |
| SGSETPGTSESATPES | 5220 |
| GSAGSAAGSGEF | 5221 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 5222 |

【０４５４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカーは、（ＳＧＧＳ）$_n$（配列番号５０２５）、（ＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５０２６）、（ＧＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５０２７）、（Ｇ）$_n$、（ＥＡＡＡＫ）$_n$（配列番号５０２８）、（ＧＧＳ）$_n$、又は（ＸＰ）$_n$から選択されるモチーフを含む。

【０４５５】

プールスクリーニングによる遺伝子組換えポリペプチド選択

候補遺伝子組換えポリペプチドは、候補の遺伝子編集能力を評価するためにスクリーニングされ得る。例えば、ヒトゲノムにおけるコード配列の標的化された編集のために設計されたＲＮＡ遺伝子組換えシステムが使用され得る。特定の実施形態では、このような遺伝子組換えシステムが、プールスクリーニング手法と共に使用され得る。

【０４５６】

例えば、遺伝子組換えポリペプチド候補及び鋳型ガイドＲＮＡ（ｔｇＲＮＡ）のライブラリーが、プールスクリーニング手法によって候補の遺伝子編集能力を試験するために、哺乳動物細胞内に導入され得る。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチド候補のライブラリーが、哺乳動物細胞内に導入された後、ｔｇＲＮＡが細胞内に導入される。

【０４５７】

スクリーニングにおいて使用され得る哺乳動物細胞代表的な非限定的な例としては、Ｈ

ＥＫ２９３Ｔ細胞、Ｕ２ＯＳ細胞、ＨｅＬａ細胞、ＨｅｐＧ２細胞、Ｈｕｈ７細胞、Ｋ５６２細胞、又はｉＰＳ細胞が挙げられる。

【０４５８】

遺伝子組換えポリペプチド候補は、１）Ｃａｓ－ヌクレアーゼ、例えば野生型ＣａｓヌクレアーゼＶ、例えば、野生型Ｃａｓ９ヌクレアーゼ、突然変異体ＣａｓヌクレアーゼＶ、例えば、Ｃａｓニッカーゼ、例えば、Ｃａｓ９　Ｎ８６３Ａニッカーゼなどの Ｃａｓ９ニッカーゼ、又は表７若しくは８から選択されるＣａｓヌクレアーゼＶ、２）ペプチドリンカー、例えば、様々な程度の長さ、柔軟性、疎水性、及び／又は二次構造を示し得る表１若しくは１０からの配列；及び３）逆転写酵素（ＲＴ）、例えば、表１若しくは６からのＲＴドメインを含み得る。遺伝子組換えポリペプチド候補ライブラリーは、ＣａｓヌクレアーゼＶ、ペプチドリンカー若しくはＲＴドメイン成分の１つ、２つ若しくは３つ全てに関して互いに異なる複数の異なる遺伝子組換えポリペプチド候補、又はこのような遺伝子組換えポリペプチド候補をコードする複数の核酸発現ベクターを含む。

【０４５９】

遺伝子組換えポリペプチド候補のスクリーニングについて、遺伝子組換えポリペプチド成分及びｔｇＲＮＡ成分を含む２成分システムが使用され得る。遺伝子組換え成分は、例えば、発現ベクター、例えば遺伝子組換えポリペプチド候補をコードする発現プラスミド又はレンチウイルスベクターを含み得、例えば遺伝子組換えポリペプチド候補をコードするヒトコドン最適化核酸、例えば上記のＣａｓ－リンカー－ＲＴ融合を含む。特定の実施形態では、（ｉ）哺乳動物細胞内の発現のためのプロモータ、例えばＣＭＶプロモータ；（ｉｉ）遺伝子組換えライブラリー候補、例えば表７又は８のＣａｓヌクレアーゼＶ、表１０のペプチドリンカー及び表６のＲＴを含むＣａｓ－リンカー－ＲＴ融合、例えば表１にあるようなＣａｓ－リンカー－ＲＴ融合；（ｉｉｉ）自己切断ポリペプチド、例えばＴ２Ａペプチド；（ｉｖ）哺乳動物細胞内の選択を可能にするマーカ、例えばピューロマイシン耐性遺伝子；及び（ｖ）終結シグナル、例えばポリＡテールを含むレンチウイルスカセットが用いられる。

【０４６０】

ｔｇＲＮＡ成分は、ｔｇＲＮＡ又は発現ベクター、例えば、ｔｇＲＮＡを生成し、例えば、Ｕ６プロモータを用いて、ｔｇＲＮＡの発現を駆動する発現プラスミドを含み得、ここで、ｔｇＲＮＡは、Ｃａｓによって認識され、それを目的のゲノム遺伝子座に局在化し、またＲＴドメインによって所望の編集の逆転写をゲノムに鋳型化するノンコーディングＲＮＡ配列である。

【０４６１】

遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補を発現する細胞のプールを調製するために、哺乳動物細胞、例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞に、プールされた遺伝子組換えポリペプチド候補発現ベクター調製物、例えば、遺伝子組換え候補ポリペプチドライブラリーのレンチウイルス調製物が形質導入され得る。特定の実施形態では、レンチウイルスプラスミドが用いられ、ＨＥＫ２９３　Ｌｅｎｔｉ－Ｘ細胞が、レンチウイルスプラスミドトランスフェクションの前に、１５ｃｍプレートに播種される（約$12\times10^{6}$個の細胞）。こうした実施形態では、レンチウイルスプラスミドトランスフェクションが、Ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ　Ｐａｃｋａｇｉｎｇ　Ｍｉｘ（Ｂｉｏｓｅｔｔｉａ）を用いて行われ得、遺伝子組換え候補ライブラリーのためのプラスミドＤＮＡのトランスフェクションが、製造業者のプロトコルに従って、Ｌｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ　２０００及びＯｐｔｉ－ＭＥＭ培地を用いて行われる。こうした実施形態では、細胞外ＤＮＡが、翌日、完全な培地交換によって除去され得、ウイルス含有培地が、４８時間後に収集され得る。レンチウイルス培地は、Ｌｅｎｔｉ－Ｘ　Ｃｏｎｃｅｎｔｒａｔｏｒ（ＴａＫａＲａ　Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）を用いて濃縮され得、５ｍＬのレンチウイルスアリコートが作製され、－８０℃で貯蔵され得る。レンチウイルス力価測定が、選択後、例えば、ピューロマイシン選択後にコロニー形成単位を計数することによって行われる。

【０４６２】

標的ＤＮＡの遺伝子編集をモニターするために、哺乳動物細胞、例えば、標的ＤＮＡを担持するＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞が用いられ得る。標的ＤＮＡの遺伝子編集のモニターについての他の実施形態では、哺乳動物細胞、例えば、標的ＤＮＡゲノムランディングパッドを担持するＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞が用いられ得る。特定の実施形態では、標的ＤＮＡゲノムランディングパッドは、対象とする疾患又は障害の処置のために編集される遺伝子を含み得る。他の特定の実施形態では、標的ＤＮＡは、遺伝子編集が起こったかどうかを決定するためにモニターされ得る検出可能な特性を示すタンパク質を発現する遺伝子配列である。例えば、特定の実施形態では、青色蛍光タンパク質（ＢＦＰ）発現又は緑色蛍光タンパク質（ＧＦＰ）発現ゲノムランディングパッドが用いられる。特定の実施形態では、哺乳動物細胞、例えば、標的ＤＮＡ、例えば、標的ＤＮＡゲノムランディングパッドを含むＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞が、遺伝子組換えライブラリー候補当たり５００×～３０００×細胞で培養プレートに播種され、細胞当たりの多重感染を最小限に抑えるために０．２～０．３感染多重度（ＭＯＩ）で形質導入される。ピューロマイシン（２．５ｕｇ／ｍＬ）が、感染細胞の選択を可能にするために、感染の４８時間後に加えられ得る。こうした実施形態では、細胞は、少なくとも７日間にわたってピューロマイシン選択下に置かれ、次に、ｔｇＲＮＡ導入、例えば、ｔｇＲＮＡエレクトロポレーションのためにスケールアップされ得る。

【０４６３】

遺伝子編集が起こるかどうかを確認するために、編集される標的ＤＮＡを含有する哺乳動物細胞に、遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補を感染させ、次に、標的ＤＮＡの編集への使用のために設計されたｔｇＲＮＡでトランスフェクトさせ得る。その後、細胞は、例えば、細胞ソーティング及び配列分析を使用することにより、標的遺伝子座の編集が、設計された結果に準じて起こったかどうか、又は編集が起こらなかった若しくは不完全な編集が起こったかどうかを決定するために分析され得る。

【０４６４】

特定の実施形態では、ゲノム編集が起こるかどうかを確認するために、ＢＦＰ－又はＧＦＰ発現哺乳動物細胞、例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞に、遺伝子組換えライブラリー候補を感染させ、次に、ｔｇＲＮＡプラスミド又はＲＮＡ、例えば、ライブラリー候補につき＞２５０×～１０００×のカバレージを確実にする細胞数で、ＢＦＰからＧＦＰ又はＧＦＰからＢＦＰに変換するように設計された２００ｎｇのｔｇＲＮＡプラスミドによる２５０，０００個の細胞／ウェルのエレクトロポレーションによってトランスフェクト又はエレクトロポレートさせ得る。こうした実施形態では、このアッセイにおける様々な構築物のゲノム編集能力が、エレクトロポレーションの４～１０日後に、色変換型蛍光タンパク質（ＦＰ）の発現のために蛍光活性化細胞ソーティング（Ｆｌｕｏｒｅｓｃｅｎｃｅ－Ａｃｔｉｖａｔｅｄ　Ｃｅｌｌ　Ｓｏｒｔｉｎｇ）（ＦＡＣＳ）によって細胞をソートすることによって評価され得る。細胞がソートされ、非編集細胞（元の蛍光タンパク質シグナルを示す）、編集細胞（変換された蛍光タンパク質シグナルを示す）、及び不完全な編集（蛍光タンパク質シグナルを示さない）細胞の異なる集団として収集される。非ソート細胞のサンプルも、分析中の候補富化を決定するために入力集団として収集され得る。

【０４６５】

遺伝子組換えライブラリー候補が、アッセイにおいてゲノム編集能力を示すかどうかを決定するために、ゲノムＤＮＡ（ｇＤＮＡ）が、ソートされた細胞集団から収集され、各集団における遺伝子組換えライブラリー候補をシーケンシングすることによって分析される。簡潔に述べると、遺伝子組換え候補が、遺伝子組換えポリペプチド発現ベクター、例えば、レンチウイルスカセットに特異的なプライマーを用いてゲノムから増幅され、ゲノムＤＮＡを希釈するために第２回のＰＣＲにおいて増幅され、次に、シーケンシングされ、例えば、次世代シーケンシングプラットフォームによってシーケンシングされ得る。シーケンシングリードの品質管理の後、少なくとも約１５００ヌクレオチド及び一般に約３２００ヌクレオチド以下のリードが、遺伝子組換えポリペプチドライブラリー配列にマッ

プされ、ライブラリー配列との最小で約８０％の一致を含むものが、このプールされたスクリーンのための所与の候補と問題なく整列されたと見なされる。アッセイにおいて遺伝子編集、例えば、ＢＦＰからＧＦＰ又はＧＦＰからＢＦＰの編集を行うことが可能な候補を同定するために、編集された集団における各ライブラリー候補のリードカウントが、最初の非ソート集団におけるそのリードカウントと比較される。

【０４６６】

プールスクリーニングのために、ゲノム編集能力を有する遺伝子組換え候補が、非ソート（入力）細胞と比べた編集された（変換されたＦＰ）集団の富化に基づいて同定される。一部の実施形態では、入力の少なくとも１．０、１．５、２．０、２．５、３．０、４．０、５．０、６．０、７．０、８．０、９．０、１０、１５、２０、２５、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０、又は少なくとも１００倍の富化は、潜在的に有用な遺伝子編集活性、例えば、少なくとも２倍の富化を示す。一部の実施形態では、富化は、富化比のｌｏｇ底２を取ることによってｌｏｇ値に換算される。一部の実施形態では、少なくとも０、１、２、３、４、５、５．５、６．０、６．２、６．３、６．４、６．５、又は少なくとも６．６のｌｏｇ２富化スコアは、潜在的に有用な遺伝子編集活性、例えば、少なくとも１．０のｌｏｇ２富化スコアを示す。特定の実施形態では、遺伝子組換え候補について観察される富化値は、参照、例えば、実施例７に記載されるエレメントＩＤ番号：１７３８０を用いて同様の条件下で観察される富化値と比較され得る。

【０４６７】

一部の実施形態では、複数のｔｇＲＮＡが、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。特定の実施形態では、複数のｔｇＲＮＡが、例えば、特定の標的遺伝子、例えば、疾患の処置のための遺伝子標的の遺伝子編集のために、鋳型／Ｃａｓ－リンカー－ＲＴ融合対を最適化するのに用いられ得る。特定の実施形態では、遺伝子組換え候補をスクリーニングするためのプール手法が、配列された形式で多くの異なるｔｇＲＮＡを用いて行われ得る。

【０４６８】

一部の実施形態では、複数のタイプの編集、例えば、異なる長さの挿入、置換、及び／又は欠失が、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。

【０４６９】

一部の実施形態では、複数の標的配列、例えば、異なる蛍光タンパク質が、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。一部の実施形態では、複数の標的配列、例えば、異なる蛍光タンパク質が、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。一部の実施形態では、複数の細胞型、例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳが、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。当業者は、所与の候補が、ｔｇＲＮＡ配列（例えば、ヌクレオチド修飾、ＰＢＳ長さ、ＲＴ鋳型長さ）、標的配列、標的位置、編集のタイプ、遺伝子組換えポリペプチドの第１の鎖ニックに対する突然変異の位置又は細胞型を含む異なる条件にわたり、改変された編集能力又は観察可能な若しくは有用な活性の増加又は低下を示し得ることを理解するであろう。従って、一部の実施形態では、遺伝子組換えライブラリー候補が、例えば、少なくとも２つの細胞型における少なくとも２つの異なるｔｇＲＮＡを用いて、複数のパラメータにわたってスクリーニングされ、遺伝子編集活性が、いずれかの単一の条件における富化によって同定される。他の実施形態では、異なるｔｇＲＮＡ及び細胞型にわたってよりロバストな活性を有する候補が、少なくとも２つの条件、例えば、スクリーニングされる全ての条件における富化によって同定される。明確にするために、任意の所与の条件下でほとんどないし全く富化を示さないことが分かった候補は、全ての条件にわたって不活性であると推定されず、異なるパラメータを用いてスクリーニングされるか、又は例えばドメイン（例えば、ＲＴドメイン）、リンカー若しくは他のシグナル（例えば、ＮＬＳ）を交換するか、入れ替えるか又は変化させることにより、ポリペプチドレベルで再構成され得る。

【０４７０】

例示的なＣａｓ９－リンカー－ＲＴ融合の配列

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカー配列及びＲＴ配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；及び表１に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）表１の行に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；及び（ｉｉ）表１の同じ行に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７１】

例示的な遺伝子組換えポリペプチド

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載されるシステムの一部である遺伝子組換えポリペプチド）は、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも８０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７２】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ３に列挙される配列

番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙されるリンカー配列を含むリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）表Ｔ１の行に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー；及び（ｉｉ）表Ｔ１の同じ行に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７５】

【表Ｔ１】

表T1. 例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択

| 完全なポリペプチド配列の配列番号 | リンカー配列 | リンカーの配列番号 | RT名 |
|---|---|---|---|
| 1372 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,401 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 1197 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,402 | FLV_P10273_3mutA |
| 2784 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,403 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 647 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,404 | SFV3L_P27401_2mutA |

【０４７６】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙されるリンカー配列を含むリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）表Ｔ２の行に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー；及び（ｉｉ）表Ｔ２の同じ行に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７７】

【表Ｔ２－１】

表T2. 例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択

| 完全なポリペプチド配列の配列番号 | リンカー配列 | リンカーの配列番号 | RT名 |
|---|---|---|---|
| 2311 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,405 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 1373 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,406 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 2644 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,407 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2304 | GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,408 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2325 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,409 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2322 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,410 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2187 | PAPAPAPAPAP | 15,411 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| 2309 | PAPAPAPAPAPAP | 15,412 | MLVCB_P08361_3mutA |

【０４７８】

【表Ｔ２－２】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 2534 | PAPAPAPAPAPAP | 15,413 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 2797 | PAPAPAPAPAPAP | 15,414 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3084 | PAPAPAPAPAPAP | 15,415 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 2868 | PAPAPAPAPAPAP | 15,416 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 126 | EAAAKGGG | 15,417 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 306 | EAAAKGGG | 15,418 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 1410 | PAPGGG | 15,419 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 804 | GGGGSSGGS | 15,420 | WMSV_P03359_3mut |
| 1937 | GGGGGSEAAAK | 15,421 | BAEVM_P10272_3mutA |
| 2721 | GGGEAAAKGGS | 15,422 | MLVMS_P03355_3mut |
| 3018 | GGGEAAAKGGS | 15,423 | MLVMS_P03355_3mut |
| 1018 | GGGEAAAKGGS | 15,424 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 2317 | GGSGGGPAP | 15,425 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2649 | PAPGGSGGG | 15,426 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2878 | PAPGGSGGG | 15,427 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 912 | GGSEAAAKPAP | 15,428 | WMSV_P03359_3mutA |
| 2338 | GGSPAPEAAAK | 15,429 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2527 | GGSPAPEAAAK | 15,430 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 141 | EAAAKGGSPAP | 15,431 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 341 | EAAAKGGSPAP | 15,432 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 2315 | EAAAKPAPGGS | 15,433 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 3080 | EAAAKPAPGGS | 15,434 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 2688 | GGGGSSEAAAK | 15,435 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2885 | GGGGSSEAAAK | 15,436 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2810 | GSSGGGEAAAK | 15,437 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3057 | GSSGGGEAAAK | 15,438 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1861 | GSSEAAAKGGG | 15,439 | MLVAV_P03356_3mutA |
| 3056 | GSSGGGPAP | 15,440 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1038 | GSSPAPGGG | 15,441 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 2308 | PAPGGGGSS | 15,442 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 1672 | GGGEAAAKPAP | 15,443 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| 2526 | GGGEAAAKPAP | 15,444 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 1938 | GGGPAPEAAAK | 15,445 | BAEVM_P10272_3mutA |
| 2641 | GSSEAAAKPAP | 15,446 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2891 | GSSEAAAKPAP | 15,447 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 1225 | GSSPAPEAAAK | 15,448 | FLV_P10273_3mutA |

【０４７９】

【表Ｔ２－３】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 2839 | GSSPAPEAAAK | 15,449 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3127 | GSSPAPEAAAK | 15,450 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 2798 | PAPGSSEAAAK | 15,451 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3091 | PAPGSSEAAAK | 15,452 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1372 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,453 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 1197 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,454 | FLV_P10273_3mutA |
| 2611 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,455 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2784 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,456 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 480 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,457 | SFV1_P23074_2mutA |
| 647 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,458 | SFV3L_P27401_2mutA |
| 1006 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,459 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 2518 | SGSETPGTSESATPES | 15,460 | MLVFF_P26809_3mutA |

【０４８０】

例示的な遺伝子組換えポリペプチドの部分配列

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、Ｎ末端メチオニン残基、第１の核局在化シグナル（ＮＬＳ）、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、ＲＴドメイン及び／又は第２のＮＬＳの１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、又は６つ全て）を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、ＮＬＳ（例えば、第１のＮＬＳ）、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、及びＲＴドメインを含み、ここで、リンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つ、又は前記リンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列の遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、ＲＴドメイン、及びＮＬＳ（例えば、第２のＮＬＳ）を含み、ここで、リンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つ、又は前記リンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列の遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、第１のＮＬＳ、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、ＲＴドメイン、及び第２のＮＬＳを含み、ここで、リンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つ、又は前記リンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列の遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端メチオニン残基を更に含む。

【０４８１】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、Ｎ末端メチオニン残基、第１の核局在化シグナル（ＮＬＳ）（例えば、配列番号１～７７４３の

いずれか１つ及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、ＤＮＡ結合ドメイン（例えば、表８に列挙される、例えば、Ｃａｓドメイン、例えば、ＳｐｙＣａｓ９ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；又は配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、リンカー（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、ＲＴドメイン（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、及び第２のＮＬＳ（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチド又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）の１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、又は６つ全て）を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（例えば、Ｃ末端から第２のＮＬＳにかけて）Ｔ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を更に含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載される）をコードする核酸は、Ｔ２Ａ配列をコードし、例えば、Ｔ２Ａ配列は、遺伝子組換えポリペプチドをコードする領域と第２の領域との間に位置し、第２の領域は、任意選択で、選択可能なマーカ、例えば、ピューロマイシンをコードする。

【０４８２】

特定の実施形態では、第１のＮＬＳは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドの第１のＮＬＳ配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの第１のＮＬＳ配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳ配列は、Ｃ－ｍｙｃ　ＮＬＳを含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳは、アミノ酸配列ＰＡＡＫＲＶＫＬＤ（配列番号１１，０９５）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４８３】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第１のＮＬＳとＤＮＡ結合ドメインとの間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳとＤＮＡ結合ドメインとの間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳとＤＮＡ結合ドメインとの間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＧを含む。

【０４８４】

特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓドメイン（例えば、表８に列挙される）を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、ＳｐｙＣａｓ９ポリペプチド（例えば、表８に列挙される、例えば、Ｃａｓ９　Ｎ８６３Ａポリペプチド）のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、アミノ酸配列：

【化９】

DKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKK
LVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAI
LSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQ
IGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIF
FDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHA
ILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSF
IERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTV
KQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREM
IEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDS
LTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQ
KGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHI
VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSEL
DKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNY
HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEIT
LANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVK
KDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQ
HKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTI
DRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD（配列番号：11,096）

又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４８５】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメインとリンカーとのスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインとリンカーとのスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインとリンカーとのスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＧを含む。

【０４８６】

特定の実施形態では、リンカーは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施

形態では、リンカーは、表１若しくは１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４８７】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカーとＲＴドメインとの間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、リンカーとＲＴドメインとの間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、リンカーとＲＴドメインとの間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＧを含む。

【０４８８】

特定の実施形態では、ＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表１又は６に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、約４００～５００、５００～６００、６００～７００、７００～８００、８００～９００、又は９００～１０００アミノ酸の長さを有する。

【０４８９】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＡＧを含む。

【０４９０】

特定の実施形態では、第２のＮＬＳは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドの第２のＮＬＳ配列を含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの第２のＮＬＳ配列を含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳは、配列は、複数の部分的ＮＬＳ配列を含む。複数の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、例えば、アミノ酸配列ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥ（配列番号１１，０９７）を含む第１の部分的ＮＬＳ配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、第２の部分的ＮＬＳ配列を含む。複数の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、例えば、アミノ酸配列ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号１１，０９８）を含む、ＳＶ４０Ａ５　ＮＬＳ、例えば、双節型ＳＶ４０Ａ５　ＮＬＳ、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、アミノ酸配列ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号１１，０９９）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４９１】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第２のＮＬＳ及びＴ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列の間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳ及びＴ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列の間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、第

２のＮＬＳ及びＴ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列の間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＳＧを含む。

【０４９２】

リンカー及びＲＴドメイン

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカー（例えば、本明細書に記載される）及びＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、リンカー（例えば、本明細書に記載される）及びＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）を含む。

【０４９３】

特定の実施形態では、リンカーは、表１０に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ａ１に列挙される例示的な遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｔ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｔ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５

％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４９４】

特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表６に列挙されるＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ１に列挙される例示的な遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｔ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｔ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ９に列挙される

配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４９５】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドの部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４９６】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー、又は前記リンカーに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー、又は前記リンカーに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー、又は前記リンカーに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカーを含む。

【０４９７】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン、又は前記ＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン、又は前記ＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン、又は前記ＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むＲＴドメインを含む。

【０４９８】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％

、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも８０％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかの単一の行からの（例えば、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される単一の例示的な遺伝子組換えポリペプチドからの）リンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。

【０４９９】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３から選択される２つの異なるアミノ酸配列からのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかの異なる行からのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。

【０５００】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、本明細書に記載される、第１のＮＬＳ（例えば、５’ＮＬＳ）を更に含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、本明細書に記載される、第２のＮＬＳ（例えば、３’ＮＬＳ）を更に含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端メチオニン残基を更に含む。

【０５０１】

ＲＴファミリー及び突然変異体

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、ＸＭＲＶ６、ＢＬＶＡＵ、ＢＬＶＪ、ＨＴＬ１Ａ、ＨＴＬ１Ｃ、ＨＴＬ１Ｌ、ＨＴＬ３２、ＨＴＬ３Ｐ、ＨＴＬＶ２、ＪＳＲＶ、ＭＬＶＦ５、ＭＬＶＲＤ、ＭＭＴＶＢ、ＭＰＭＶ、ＳＦＶＣＰ、ＳＭＲＶＨ、ＳＲＶ１、ＳＲＶ２、及びＷＤＳＶから選択されるファミリーからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ａ

ＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６から選択されるファミリーからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。

【０５０２】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴドメインからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム１に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム３（ＭＬＶＭＳ）に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ２のカラム１及び２に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸位置、又はそれに対応するアミノ酸位置における１つ又は複数の点突然変異を含む。

【０５０３】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴドメインからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム２に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム４（ＡＶＩＲＥ）に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ２のカラム３及び４に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸位置、又はそれに対応するアミノ酸位置における１つ又は複数の点突然変異を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、（例えば、Ｃ末端に）ＩＥＮＳＳＰを含む。

【０５０４】

【表Ｍ１】

表M1. MLVMS及びAVIRE RTドメインにおける例示的な点突然変異

| RT-リンカーファイリング (MLVMS) | 対応するAVIRE | MLVMS (PLV4921) | AVIRE (PLV10990) |
|---|---|---|---|
| | | H8Y | |
| **P51L** | Q51L | | |
| **S67R** | T67R | | |
| **E67K** | E67K | | |
| **E69K** | E69K | | |
| **T197A** | T197A | | |
| **D200N** | D200N | D200N | D200N |
| **H204R** | N204R | | |
| **E302K** | E302K | | |
| | | T306K | T306K |
| **F309N** | Y309N | | |
| **W313F** | W313F | W313F | W313F |
| **T330P** | G330P | T330P | G330P |
| **L435G** | T436G | | |
| **N454K** | N455K | | |
| **D524G** | D526G | | |
| **E562Q** | E564Q | | |
| **D583N** | D585N | | |
| **H594Q** | H596Q | | |
| **L603W** | L605W | L603W | L605W |
| **D653N** | D655N | | |
| **L671P** | L673P | | |
| | | C-termにおけるIENSSP | |

【０５０５】
【表Ｍ２】
表M2. 例示的なMLVMS及びAVIRE RTドメインにおいて突然変異され得る位置

| WT残基及び位置 | | | |
|---|---|---|---|
| MLVMS aa | MLVMS 位置番号 * | AVIRE aa | AVIRE 位置番号 * |
| H | 8 | Y | 8 |
| P | 51 | Q | 51 |
| S | 67 | T | 67 |
| E | 69 | E | 69 |
| T | 197 | T | 197 |
| D | 200 | D | 200 |
| H | 204 | N | 204 |
| E | 302 | E | 302 |
| T | 306 | T | 306 |
| F | 309 | Y | 309 |
| W | 313 | W | 313 |
| T | 330 | G | 330 |
| L | 435 | T | 436 |
| N | 454 | N | 455 |
| D | 524 | D | 526 |
| E | 562 | E | 564 |
| D | 583 | D | 585 |
| H | 594 | H | 596 |
| L | 603 | L | 605 |
| D | 653 | D | 655 |
| L | 671 | S | 673 |

【０５０６】
特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ガンマレトロウイルス由来ＲＴドメインを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのガンマレトロウイルス由来ＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６から選択されるファミリーからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのガンマレトロウイルス由来ＲＴドメインは、ＰＥＲＶに由来しない。一部の実施形態では、前記ＲＴは、表２に示され、マウス白血病ウイルス逆転写酵素のＲＴドメインにおける突然変異Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｗ３１３Ｆ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｌ６７１Ｐ、Ｅ６９Ｋ、又はＤ６５３Ｎに対応する１、２、３、４、５、６つ又はそれ以上の突然変異を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカードメインに対して少なくとも９９％の同一性を有するリンカーを更に含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号５２１７又は配列番号１１，０４１に対して少なくとも９９％又は１００％の同一性を有するリンカーを更に含む。
【０５０７】
複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＡＶＩＲＥ＿Ｐ０３３６０配列、例えば、配列番号８００１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、Ｌ６０５Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、

４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＡＶＩＲＥ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、及びＬ６０５Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＡＶＩＲＥ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５０８】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＢＡＥＶＭ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＢＡＥＶＭ＿Ｐ１０２７２配列、例えば、配列番号８００４）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、Ｌ６０２Ｗ、Ｔ３０４Ｋ、及びＷ３１１Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＢＡＥＶＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、及びＬ６０２Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＢＡＥＶＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５０９】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＦＦＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＦＦＶ＿Ｏ９３２０９配列、例えば、配列番号８０１２）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２１Ｎ、Ｔ２９３Ｎ、Ｔ４１９Ｐ、及びＬ３９３Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２１Ｎ、Ｔ２９３Ｎ、及びＴ４１９Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ２１Ｎを更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ、Ｔ３３３Ｐ、及びＬ３０７Ｋからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ及びＴ３３３Ｐからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１０】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＦＬＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＦＬＶ＿Ｐ１０２７３配列、例えば、配列番号８０１９）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９９Ｎ、Ｌ６０２Ｗ、Ｔ３０５Ｋ、及びＷ３１２Ｆからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９９Ｎ及びＬ６０２Ｗからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１１】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＦＯＡＭＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＦＯＡＭＶ＿Ｐ１４３５０配列、例えば、配列番号８０２１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、Ｓ４２０Ｐ、及びＬ３９６Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、及びＳ４

２０Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ２４Ｎ、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ、Ｓ３３１Ｐ、及びＬ３０７Ｋからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ及びＳ３３１Ｐからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１２】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＧＡＬＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＧＡＬＶ＿Ｐ２１４１４配列、例えば、配列番号８０２７）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、Ｌ６００Ｗ、Ｔ３０４Ｋ、及びＷ３１１Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、及びＬ６００Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１３】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＫＯＲＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＫＯＲＶ＿Ｑ９ＴＴＣ１配列、例えば、配列番号８０４７）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ３２Ｎ、Ｄ３２２Ｎ、Ｅ４５２Ｐ、Ｌ２７４Ｗ、Ｔ４２８Ｋ、及びＷ４３５Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、５、又は６つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ３２Ｎ、Ｄ３２２Ｎ、Ｅ４５２Ｐ、及びＬ２７４Ｗからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ３２Ｎを更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２３１Ｎ、Ｅ３６１Ｐ、Ｌ６３３Ｗ、Ｔ３３７Ｋ、及びＷ３４４Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＫＯＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２３１Ｎ、Ｅ３６１Ｐ、及びＬ６３３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＫＯＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１４】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＡＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＡＶ＿Ｐ０３３５６配列、例えば、配列番号８０５３）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＡＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＡＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１５】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＢＭ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配

列（例えば、ＭＬＶＢＭ＿Ｑ７ＳＶＫ７配列、例えば、配列番号８０５６）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９９Ｎ、Ｔ３２９Ｐ、Ｌ６０２Ｗ、Ｔ３０５Ｋ、及びＷ３１２Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＢＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、及び３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＢＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１６】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＣＢ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＣＢ＿Ｐ０８３６１配列、例えば、配列番号８０６２）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＣＢ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、及び３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＣＢ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１７】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＦＦ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＦＦ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、及び３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＦＦ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１８】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７；又はＭＬＶＭＳ＿Ｐ０３３５５配列、例えば、配列番号８０７０）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、Ｗ３１３Ｆ、及びＨ８Ｙからなる群から選択される１、２、３、４、５、又は６つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＭＳ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＭＳ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＭＳ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１９】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＰＥＲＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２配列、例えば、配列番号８０９９）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９６Ｎ、Ｅ３２６Ｐ、Ｌ５９９Ｗ、Ｔ３０２Ｋ、及びＷ３０９Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、

又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＰＥＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９６Ｎ、Ｅ３２６Ｐ、及びＬ５９９Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＰＥＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２０】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＳＦＶ１　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＳＦＶ１＿Ｐ２３０７４配列、例えば、配列番号８１０５）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、Ｎ４２０Ｐ、及びＬ３９６Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ１　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、及びＮ４２０Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ１　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ１　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２１】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＳＦＶ３Ｌ＿Ｐ２７４０１配列、例えば、配列番号８１１１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、Ｎ４２２Ｐ、及びＬ３９６Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、及びＮ４２２Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ２４Ｎ、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ３０７Ｎ、Ｎ３３３Ｐ、及びＬ３０７Ｋからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ３０７Ｎ及びＮ３３３Ｐからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２２】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＷＭＳＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＷＭＳＶ＿Ｐ０３３５９配列、例えば、配列番号８１３１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、Ｌ６００Ｗ、Ｔ３０４Ｋ、及びＷ３１１Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＷＭＳＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、及びＬ６００Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＷＭＳＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２３】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＸＭＲＶ６　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＸＭＲＶ６＿Ａ１Ｚ６５１配列、例えば、配列番号８１３４）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＸＭＲ

Ｖ６　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＸＭＲＶ６　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２４】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ５のカラム１に列挙される配列に含まれるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号５２１７又は配列番号１１，０４１に対して少なくとも９９％又は１００％の同一性を有するリンカーを更に含む。

【０５２５】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ５のカラム２～６のいずれかに列挙される配列に含まれるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号５２１７又は配列番号１１，０４１に対して少なくとも９９％又は１００％の同一性を有するリンカーを更に含む。

【０５２６】

【表Ａ５－１】

表A5. AVIRE RTドメイン又はMLVMS RTドメインを含む例示的な遺伝子組換えポリペプチド。

| AVIRE配列番号 | MLVMS 配列番号 | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 2704 | 3007 | 3038 | 2638 | 2930 |
| 2 | 2706 | 3007 | 3038 | 2639 | 2930 |
| 3 | 2708 | 3008 | 3039 | 2639 | 2931 |
| 4 | 2709 | 3008 | 3039 | 2640 | 2931 |
| 5 | 2709 | 3009 | 3040 | 2640 | 2932 |
| 6 | 2710 | 3010 | 3040 | 2641 | 2932 |
| 7 | 2957 | 3010 | 3041 | 2641 | 2933 |
| 9 | 2957 | 3011 | 3041 | 2642 | 2933 |
| 10 | 2958 | 3012 | 3042 | 2642 | 2934 |
| 12 | 2959 | 3012 | 3042 | 2643 | 2934 |
| 13 | 2960 | 3013 | 3043 | 2643 | 2935 |
| 14 | 2962 | 3013 | 3043 | 2644 | 2935 |
| 6076 | 6042 | 3014 | 3044 | 2644 | 2936 |
| 6143 | 6068 | 3014 | 3044 | 2645 | 2936 |
| 6200 | 6097 | 3015 | 3045 | 2645 | 2937 |
| 6254 | 6136 | 3015 | 3045 | 2646 | 2937 |
| 6274 | 6156 | 3016 | 3046 | 2646 | 2938 |

【０５２７】

【表Ａ５－２】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 6315 | 6215 | 3016 | 3046 | 2647 | 2938 |
| 6328 | 6216 | 3017 | 3047 | 2647 | 2939 |
| 6337 | 6301 | 3018 | 3047 | 2648 | 2939 |
| 6403 | 6352 | 3018 | 3048 | 2648 | 2940 |
| 6420 | 6365 | 3019 | 3048 | 2649 | 2940 |
| 6440 | 6411 | 3019 | 3049 | 2649 | 2941 |
| 6513 | 6436 | 3020 | 3049 | 2650 | 2941 |
| 6552 | 6458 | 3020 | 3050 | 2650 | 2942 |
| 6613 | 6459 | 3021 | 3051 | 2651 | 2942 |
| 6671 | 6524 | 3021 | 3051 | 2651 | 2943 |
| 6822 | 6562 | 3022 | 3052 | 2652 | 2943 |
| 6840 | 6563 | 3023 | 3052 | 2652 | 2944 |
| 6884 | 6699 | 3023 | 3053 | 2653 | 2945 |
| 6907 | 6865 | 3024 | 3053 | 2653 | 2945 |
| 6970 | 7022 | 3024 | 3054 | 2654 | 2946 |
| 7025 | 7037 | 3025 | 3054 | 2655 | 2946 |
| 7052 | 7088 | 3025 | 3055 | 2655 | 2947 |
| 7078 | 7116 | 3026 | 3055 | 2656 | 2947 |
| 7243 | 7175 | 3026 | 3056 | 2656 | 2948 |
| 7253 | 7200 | 3027 | 3056 | 2657 | 2948 |
| 7318 | 7206 | 3027 | 3057 | 2657 | 2949 |
| 7379 | 7277 | 3028 | 3057 | 2658 | 2949 |
| 7486 | 7294 | 3028 | 3058 | 2658 | 2950 |
| 7524 | 7330 | 3029 | 3058 | 2659 | 2950 |
| 7668 | 7411 | 3030 | 3059 | 2659 | 2951 |
| 7680 | 7455 | 3030 | 3059 | 2660 | 2951 |
| 7720 | 7477 | 3031 | 3060 | 2660 | 2952 |
| 1137 | 7511 | 3031 | 3060 | 2661 | 2952 |
| 1138 | 7538 | 3032 | 3061 | 2661 | 2953 |
| 1139 | 7559 | 3032 | 3061 | 2662 | 2953 |
| 1140 | 7560 | 3033 | 3062 | 2662 | 2954 |
| 1141 | 7593 | 3033 | 3062 | 2663 | 2954 |
| 1142 | 7594 | 3034 | 3063 | 2663 | 2955 |
| 1143 | 7607 | 3034 | 3063 | 2664 | 2955 |
| 1144 | 7623 | 6025 | 3064 | 2664 | 6485 |
| 1145 | 7638 | 6041 | 3064 | 2665 | 6486 |
| 1146 | 7717 | 6043 | 3065 | 2665 | 6504 |
| 1147 | 7731 | 6098 | 3065 | 2666 | 6505 |
| 1148 | 7732 | 6099 | 3066 | 2666 | 6595 |
| 1149 | 2711 | 6180 | 3066 | 2667 | 6596 |
| 1150 | 2711 | 6182 | 3067 | 2667 | 6751 |

【０５２８】

【表Ａ５－３】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 1151 | 2712 | 6237 | 3067 | 2668 | 6752 |
| 1152 | 2712 | 6238 | 3068 | 2668 | 6777 |
| 1153 | 2713 | 6311 | 3068 | 2669 | 6778 |
| 1154 | 2713 | 6312 | 3069 | 2669 | 7172 |
| 1155 | 2714 | 6578 | 3069 | 2670 | 7174 |
| 1156 | 2714 | 6579 | 3070 | 2670 | 7313 |
| 1157 | 2715 | 6663 | 3070 | 2671 | 7314 |
| 1158 | 2715 | 6664 | 3071 | 2671 | |
| 1159 | 2716 | 6708 | 3071 | 2672 | |
| 1160 | 2716 | 6709 | 3072 | 2672 | |
| 1161 | 2717 | 6809 | 3072 | 2673 | |
| 1162 | 2717 | 6831 | 3073 | 2673 | |
| 1163 | 2718 | 6832 | 3073 | 2674 | |
| 1164 | 2718 | 6864 | 3074 | 2674 | |
| 1165 | 2719 | 6866 | 3074 | 2675 | |
| 1166 | 2719 | 7089 | 3075 | 2675 | |
| 1167 | 2720 | 7157 | 3075 | 2676 | |
| 6015 | 2720 | 7159 | 3076 | 2676 | |
| 6029 | 2721 | 7173 | 3076 | 2677 | |
| 6045 | 2721 | 7176 | 3077 | 2677 | |
| 6077 | 2722 | 7293 | 3077 | 2678 | |
| 6129 | 2722 | 7295 | 3078 | 2678 | |
| 6144 | 2723 | 7343 | 3078 | 2679 | |
| 6164 | 2723 | 7393 | 3079 | 2680 | |
| 6201 | 2724 | 7394 | 3079 | 2680 | |
| 6227 | 2724 | 7425 | 3080 | 2681 | |
| 6244 | 2725 | 7426 | 3080 | 2681 | |
| 6250 | 2725 | 7444 | 3081 | 2682 | |
| 6264 | 2726 | 7445 | 3081 | 2682 | |
| 6289 | 2726 | 7476 | 3082 | 2683 | |
| 6304 | 2727 | 7478 | 3082 | 2683 | |
| 6316 | 2727 | 7496 | 3083 | 2684 | |
| 6384 | 2728 | 7497 | 3083 | 2684 | |
| 6421 | 2728 | 7537 | 3084 | 2685 | |
| 6441 | 2729 | 7539 | 3084 | 2685 | |
| 6492 | 2729 | 2780 | 3085 | 2686 | |
| 6514 | 2730 | 2780 | 3085 | 2686 | |
| 6530 | 2730 | 2781 | 3086 | 2687 | |
| 6569 | 2731 | 2781 | 3086 | 2687 | |
| 6584 | 2731 | 2782 | 3087 | 2688 | |
| 6621 | 2732 | 2782 | 3087 | 2688 | |

【０５２９】

【表Ａ５－４】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 6651 | 2732 | 2783 | 3088 | 2689 | |
| 6659 | 2733 | 2783 | 3088 | 2689 | |
| 6683 | 2734 | 2784 | 3089 | 2690 | |
| 6703 | 2734 | 2784 | 3089 | 2690 | |
| 6727 | 2735 | 2785 | 3090 | 2691 | |
| 6732 | 2735 | 2785 | 3090 | 2692 | |
| 6745 | 2736 | 2786 | 3091 | 2692 | |
| 6755 | 2736 | 2786 | 3091 | 2693 | |
| 6784 | 2737 | 2787 | 3092 | 2693 | |
| 6817 | 2737 | 2787 | 3092 | 2694 | |
| 6823 | 2738 | 2788 | 3093 | 2694 | |
| 6841 | 2739 | 2788 | 3093 | 2695 | |
| 6871 | 2740 | 2789 | 3094 | 2695 | |
| 6885 | 2740 | 2789 | 3095 | 2696 | |
| 6898 | 2741 | 2790 | 3095 | 2696 | |
| 6908 | 2741 | 2790 | 3096 | 2697 | |
| 6933 | 2742 | 2791 | 3096 | 2697 | |
| 6971 | 2742 | 2791 | 3097 | 2698 | |
| 7009 | 2743 | 2792 | 3097 | 2698 | |
| 7018 | 2743 | 2792 | 3098 | 2699 | |
| 7045 | 2744 | 2793 | 3098 | 2699 | |
| 7053 | 2744 | 2793 | 3099 | 2700 | |
| 7068 | 2745 | 2794 | 3099 | 2700 | |
| 7079 | 2745 | 2794 | 3100 | 2701 | |
| 7096 | 2746 | 2795 | 3100 | 2701 | |
| 7104 | 2746 | 2795 | 3101 | 2702 | |
| 7122 | 2747 | 2796 | 3101 | 2702 | |
| 7151 | 2747 | 2796 | 3102 | 2703 | |
| 7163 | 2748 | 2797 | 3102 | 2703 | |
| 7181 | 2748 | 2797 | 3103 | 2862 | |
| 7244 | 2749 | 2798 | 3103 | 2862 | |
| 7273 | 2750 | 2798 | 3104 | 2863 | |
| 7319 | 2750 | 2799 | 3104 | 2863 | |
| 7336 | 2751 | 2799 | 3105 | 2864 | |
| 7380 | 2751 | 2800 | 3105 | 2864 | |
| 7402 | 2752 | 2800 | 3106 | 2865 | |
| 7462 | 2752 | 2801 | 3106 | 2865 | |
| 7487 | 2753 | 2801 | 3107 | 2866 | |
| 7525 | 2753 | 2802 | 3107 | 2866 | |
| 7569 | 2754 | 2802 | 3108 | 2867 | |
| 7626 | 2754 | 2803 | 3108 | 2867 | |

【０５３０】

【表Ａ５－５】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 7689 | 2755 | 2803 | 3109 | 2868 | |
| 7707 | 2755 | 2804 | 3109 | 2868 | |
| 7721 | 2756 | 2804 | 3110 | 2869 | |
| 1371 | 2756 | 2805 | 3110 | 2869 | |
| 1372 | 2757 | 2805 | 3111 | 2870 | |
| 1373 | 2758 | 2806 | 3111 | 2870 | |
| 1374 | 2758 | 2806 | 3112 | 2871 | |
| 1375 | 2759 | 2807 | 3112 | 2871 | |
| 1376 | 2759 | 2807 | 3113 | 2872 | |
| 1377 | 2760 | 2808 | 3113 | 2872 | |
| 1378 | 2760 | 2808 | 3114 | 2873 | |
| 1379 | 2761 | 2809 | 3114 | 2873 | |
| 1380 | 2761 | 2809 | 3115 | 2874 | |
| 1381 | 2762 | 2810 | 3115 | 2874 | |
| 1382 | 2762 | 2810 | 3116 | 2875 | |
| 1383 | 2763 | 2811 | 3116 | 2875 | |
| 1384 | 2763 | 2811 | 3117 | 2876 | |
| 1385 | 2764 | 2812 | 3117 | 2876 | |
| 1386 | 2764 | 2812 | 3118 | 2877 | |
| 1387 | 2765 | 2813 | 3118 | 2877 | |
| 1388 | 2765 | 2813 | 3119 | 2878 | |
| 1389 | 2766 | 2814 | 3119 | 2878 | |
| 1390 | 2766 | 2814 | 3120 | 2879 | |
| 1391 | 2767 | 2815 | 3120 | 2879 | |
| 1392 | 2767 | 2815 | 3121 | 2880 | |
| 1393 | 2768 | 2816 | 3121 | 2880 | |
| 1394 | 2768 | 2816 | 3122 | 2881 | |
| 1395 | 2769 | 2817 | 3122 | 2881 | |
| 1396 | 2769 | 2817 | 3123 | 2882 | |
| 1397 | 2770 | 2818 | 3123 | 2882 | |
| 1398 | 2770 | 2818 | 3124 | 2883 | |
| 1399 | 2771 | 2819 | 3124 | 2883 | |
| 1400 | 2771 | 2819 | 3125 | 2884 | |
| 1401 | 2772 | 2820 | 3125 | 2884 | |
| 1402 | 2773 | 2820 | 3126 | 2885 | |
| 1403 | 2773 | 2821 | 3126 | 2885 | |
| 1404 | 2774 | 2821 | 3127 | 2886 | |
| 1405 | 2774 | 2822 | 3127 | 2886 | |
| 1406 | 2775 | 2822 | 3128 | 2887 | |
| 1407 | 2775 | 2823 | 3128 | 2887 | |
| 1408 | 2776 | 2823 | 3129 | 2888 | |

【０５３１】

【表Ａ５－６】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 1409 | 2776 | 2824 | 3129 | 2888 | |
| 1410 | 2777 | 2824 | 3130 | 2889 | |
| 1411 | 2777 | 2825 | 3130 | 2889 | |
| 1412 | 2778 | 2825 | 3131 | 2890 | |
| 1413 | 2779 | 2826 | 3131 | 2890 | |
| 1414 | 2779 | 2826 | 3132 | 2891 | |
| 1415 | 2965 | 2827 | 3133 | 2891 | |
| 1416 | 2965 | 2827 | 3133 | 2892 | |
| 1417 | 2966 | 2828 | 3134 | 2893 | |
| 1418 | 2966 | 2828 | 3134 | 2893 | |
| 1419 | 2967 | 2829 | 3135 | 2894 | |
| 1420 | 2968 | 2829 | 3135 | 2894 | |
| 1421 | 2968 | 2830 | 3136 | 2895 | |
| 1422 | 2969 | 2830 | 3136 | 2895 | |
| 1423 | 2969 | 2831 | 6181 | 2896 | |
| 1424 | 2970 | 2831 | 6183 | 2896 | |
| 1425 | 2970 | 2832 | 6284 | 2897 | |
| 1426 | 2971 | 2832 | 6285 | 2897 | |
| 1427 | 2971 | 2833 | 6760 | 2898 | |
| 1428 | 2972 | 2833 | 6761 | 2898 | |
| 1429 | 2972 | 2834 | 7036 | 2899 | |
| 1430 | 2973 | 2834 | 7038 | 2899 | |
| 1431 | 2974 | 2835 | 7158 | 2900 | |
| 1432 | 2974 | 2835 | 7160 | 2900 | |
| 1433 | 2975 | 2836 | 2610 | 2901 | |
| 1434 | 2976 | 2836 | 2610 | 2901 | |
| 1435 | 2976 | 2837 | 2611 | 2902 | |
| 1436 | 2977 | 2837 | 2611 | 2902 | |
| 1437 | 2977 | 2838 | 2612 | 2903 | |
| 1439 | 2978 | 2838 | 2612 | 2903 | |
| 1440 | 2978 | 2839 | 2613 | 2904 | |
| 1441 | 2979 | 2839 | 2613 | 2904 | |
| 1442 | 2979 | 2840 | 2614 | 2905 | |
| 1443 | 2980 | 2840 | 2614 | 2905 | |
| 1444 | 2980 | 2841 | 2615 | 2906 | |
| 1445 | 2981 | 2841 | 2615 | 2906 | |
| 1446 | 2981 | 2842 | 2616 | 2907 | |
| 1447 | 2982 | 2842 | 2616 | 2907 | |
| 6001 | 2982 | 2843 | 2617 | 2908 | |
| 6030 | 2983 | 2843 | 2617 | 2908 | |
| 6078 | 2983 | 2844 | 2618 | 2909 | |

【０５３２】

【表Ａ５－７】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 6108 | 2984 | 2844 | 2618 | 2909 | |
| 6130 | 2985 | 2845 | 2619 | 2910 | |
| 6165 | 2985 | 2845 | 2619 | 2910 | |
| 6265 | 2986 | 2846 | 2620 | 2911 | |
| 6275 | 2987 | 2846 | 2620 | 2911 | |
| 6305 | 2987 | 2847 | 2621 | 2912 | |
| 6329 | 2988 | 2847 | 2621 | 2912 | |
| 6370 | 2988 | 2848 | 2622 | 2913 | |
| 6385 | 2989 | 2848 | 2622 | 2913 | |
| 6404 | 2989 | 2849 | 2623 | 2914 | |
| 6531 | 2990 | 2849 | 2623 | 2914 | |
| 6585 | 2990 | 2850 | 2624 | 2915 | |
| 6622 | 2991 | 2850 | 2624 | 2915 | |
| 6652 | 2991 | 2851 | 2625 | 2916 | |
| 6733 | 2992 | 2851 | 2625 | 2916 | |
| 6756 | 2992 | 2852 | 2626 | 2917 | |
| 6765 | 2993 | 2852 | 2626 | 2917 | |
| 6798 | 2993 | 2853 | 2627 | 2918 | |
| 6824 | 2994 | 2853 | 2627 | 2919 | |
| 6972 | 2994 | 2854 | 2628 | 2919 | |
| 7046 | 2995 | 2854 | 2628 | 2920 | |
| 7054 | 2995 | 2855 | 2629 | 2920 | |
| 7069 | 2996 | 2855 | 2629 | 2921 | |
| 7080 | 2996 | 2856 | 2630 | 2921 | |
| 7105 | 2997 | 2856 | 2630 | 2922 | |
| 7123 | 2998 | 2857 | 2631 | 2922 | |
| 7143 | 2998 | 2857 | 2631 | 2923 | |
| 7152 | 2999 | 2858 | 2632 | 2923 | |
| 7204 | 2999 | 2858 | 2632 | 2924 | |
| 7320 | 3001 | 2859 | 2633 | 2924 | |
| 7351 | 3001 | 2859 | 2633 | 2925 | |
| 7381 | 3002 | 2860 | 2634 | 2925 | |
| 7403 | 3002 | 2860 | 2634 | 2926 | |
| 7438 | 3003 | 2861 | 2635 | 2926 | |
| 7488 | 3003 | 2861 | 2635 | 2927 | |
| 7500 | 3004 | 3035 | 2636 | 2927 | |
| 7526 | 3004 | 3036 | 2636 | 2928 | |
| 7588 | 3005 | 3036 | 2637 | 2928 | |
| 7612 | 3005 | 3037 | 2637 | 2929 | |
| 7627 | 3006 | 3037 | 2638 | 2929 | |

【０５３３】

システム

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子（例えば、本明細書に記載される）及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ、例えば、本明細書に記載される）を含むシステムに関する。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、本明細書に記載される核酸分子と比べて、コード領域における（例えば、ＲＴドメインをコードする配列における）１つ又は複数のサイレント突然変異を含む。特定の実施形態では、システムは、ｇＲＮＡ（例えば、例えば、遺伝子組換えポリペプチドによって結合された標的ＤＮＡの反対側の鎖中にニックを誘導するポリペプチドに結合

するｇＲＮＡ）を更に含む。

【０５３４】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチド、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列をコードする。

【０５３５】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列の部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドの部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５３６】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５３７】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５３８】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載される）及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ、例えば、本明細書に記載される）を含むシステムに関する。

【０５３９】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチド、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４０】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列の部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドの部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４１】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９

０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４２】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４３】

【表Ａ１－１】

表A1. RTドメイン及びリンカー配列を含む遺伝子組換えポリペプチドについての例示的なアミノ酸配列

| 配列番号 | アミノ酸配列 |
|---|---|
| 34 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKGGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE<br>AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA<br>PTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE<br>VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMAITQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR<br>LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 35 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKGGSSGAPAGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG<br>RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |

【０５４４】

【表Ａ１－２】

| | |
|---|---|
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 35 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG<br>RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 36 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQFPQ<br>AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR<br>SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRAS<br>AKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFT<br>LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNP<br>ATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATA<br>HVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 36 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５４５】

【表Ａ１－３】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQ |
| | AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR |
| | SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRAS |
| | AKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATIAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFT |
| | LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNP |
| | ATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATA |
| | HVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 37 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | PGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKK |
| | TVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 38 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５４６】

【表Ａ１－４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 39 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQL |
| | KASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTS |
| | QPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDG |
| | QRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLI |
| | EETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIK |
| | NKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 40 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５４７】

【表Ａ１－５】

| | |
|---|---|
| 40 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLQKASATPVSVRQYPL<br>SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG<br>RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 41 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGSSGSSGGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLQKASATPVSVRQYPP<br>LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT<br>GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV<br>QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP<br>LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH<br>LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 41 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５４８】

【表Ａ１－６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 43 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPILTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 47 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |

【０５４９】

【表Ａ１－７】

| | |
|---|---|
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 48 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE |
| | VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 49 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQVPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 51 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５５０】

【表Ａ１－８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | QYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP | |
| | PGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | TVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 62 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 65 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５５１】

【表Ａ１－９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 83 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 90 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSV |
| | RQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARK |
| | KTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK |

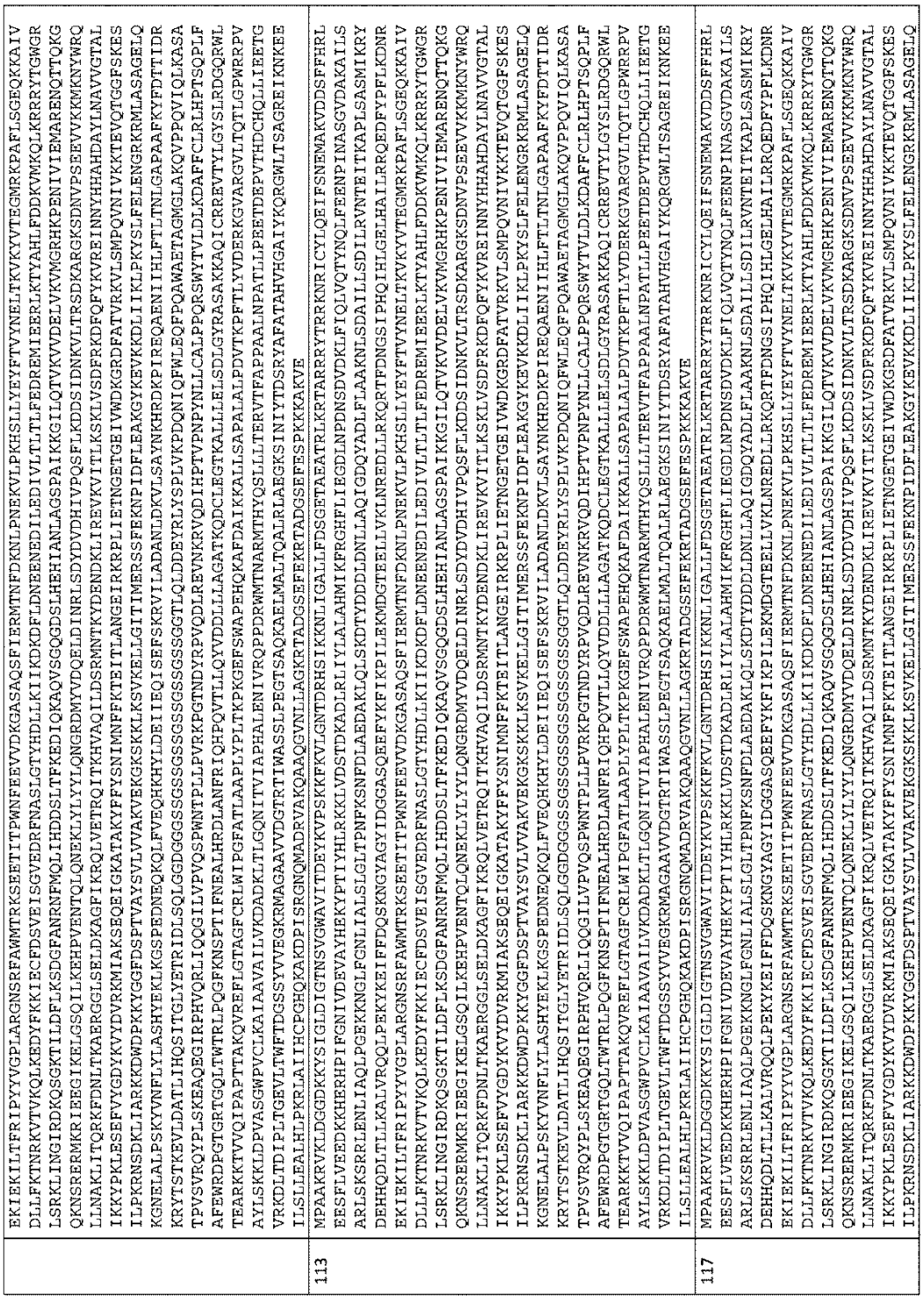
【０５５２】

【表Ａ１－１０】

| | |
|---|---|
| | KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDL |
| | TDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLL |
| | EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 97 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPV |
| | SVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEA |
| | RKKTVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK |
| | DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLL |
| | LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 112 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 113 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５５３】

【表Ａ１－１１】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGSSGSSGSSGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLIRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPFATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 113 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| 117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

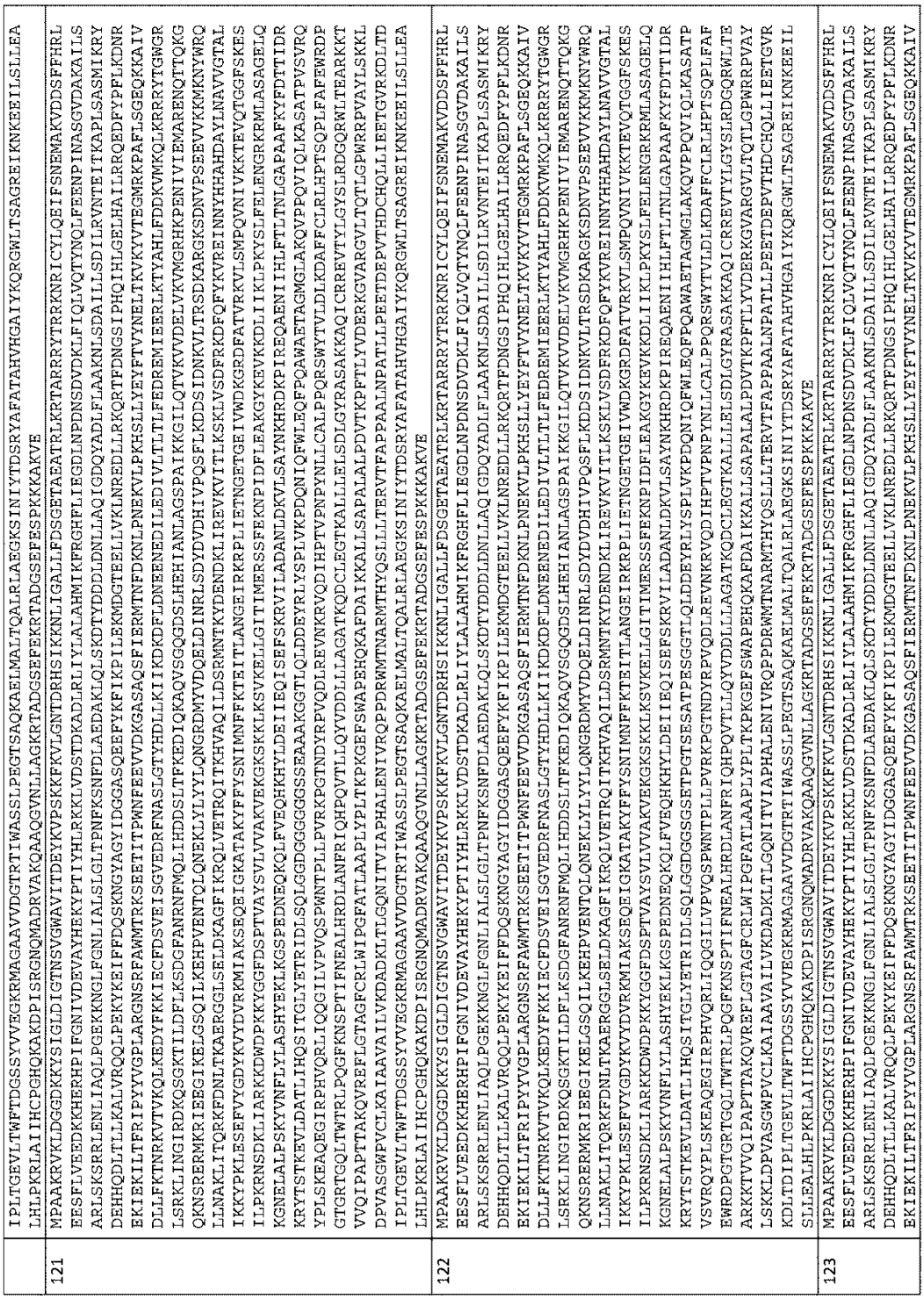
【０５５４】

【表Ａ１－１２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |

【０５５５】

【表Ａ１－１３】



| | |
|---|---|
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVR |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 122 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATP |
| | VSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTE |
| | ARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVR |
| | KDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEIL |
| | SLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 123 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５５６】

【表Ａ１－１４】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 124 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 126 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５５７】

【表Ａ１－１５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAMAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRIIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 127 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 133 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |

【０５５８】

【表Ａ１－１６】

| | |
|---|---|
| 138 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 139 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 140 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５５９】

【表Ａ１－１７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGL |
| | AKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKD |
| | AFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRRE |
| | VTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVA |
| | RGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDE |
| | PVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQR |
| | GWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 141 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 142 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |

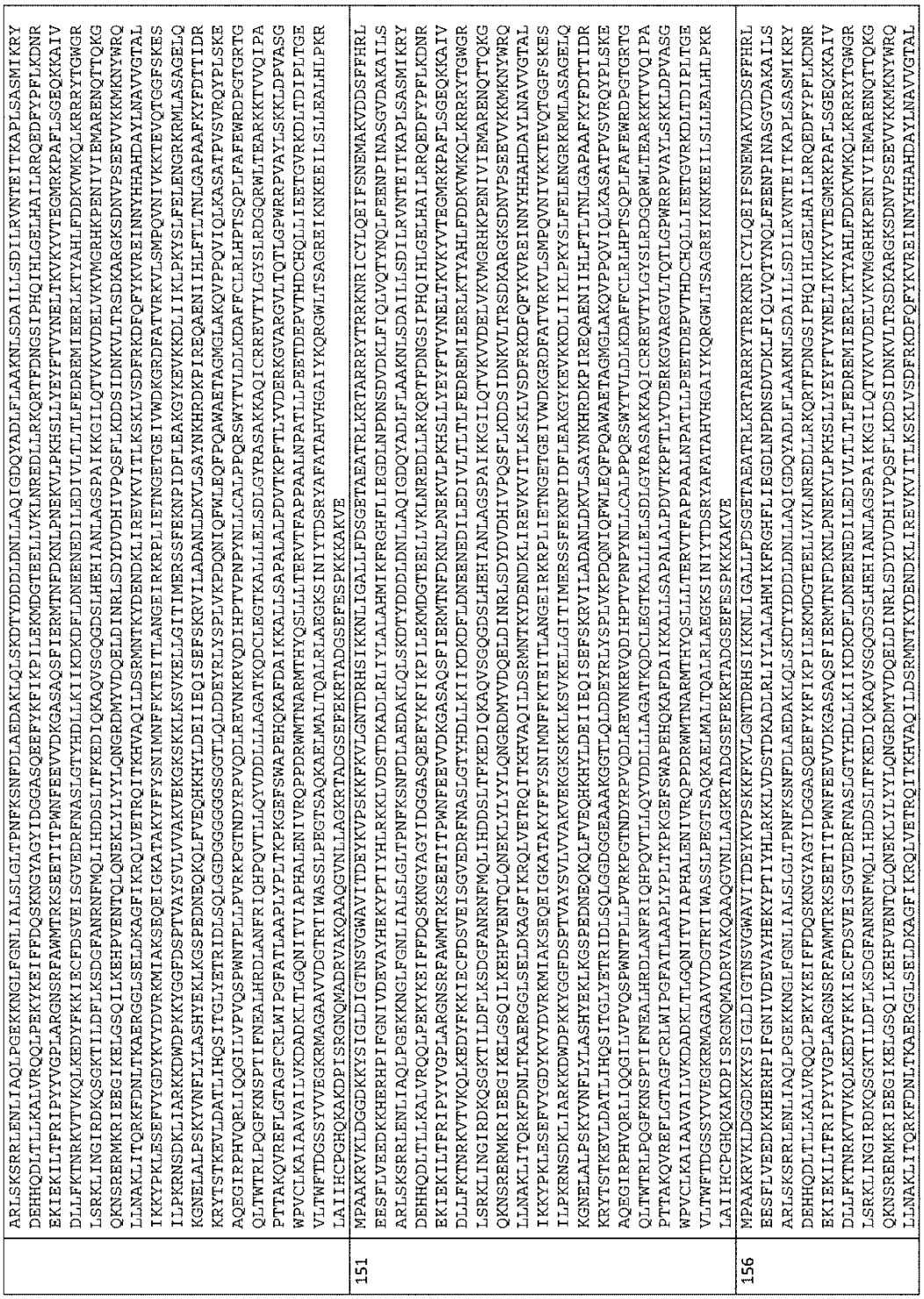
【０５６０】

【表Ａ１－１８】

| | |
|---|---|
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 142 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 144 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEELALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 147 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５６１】

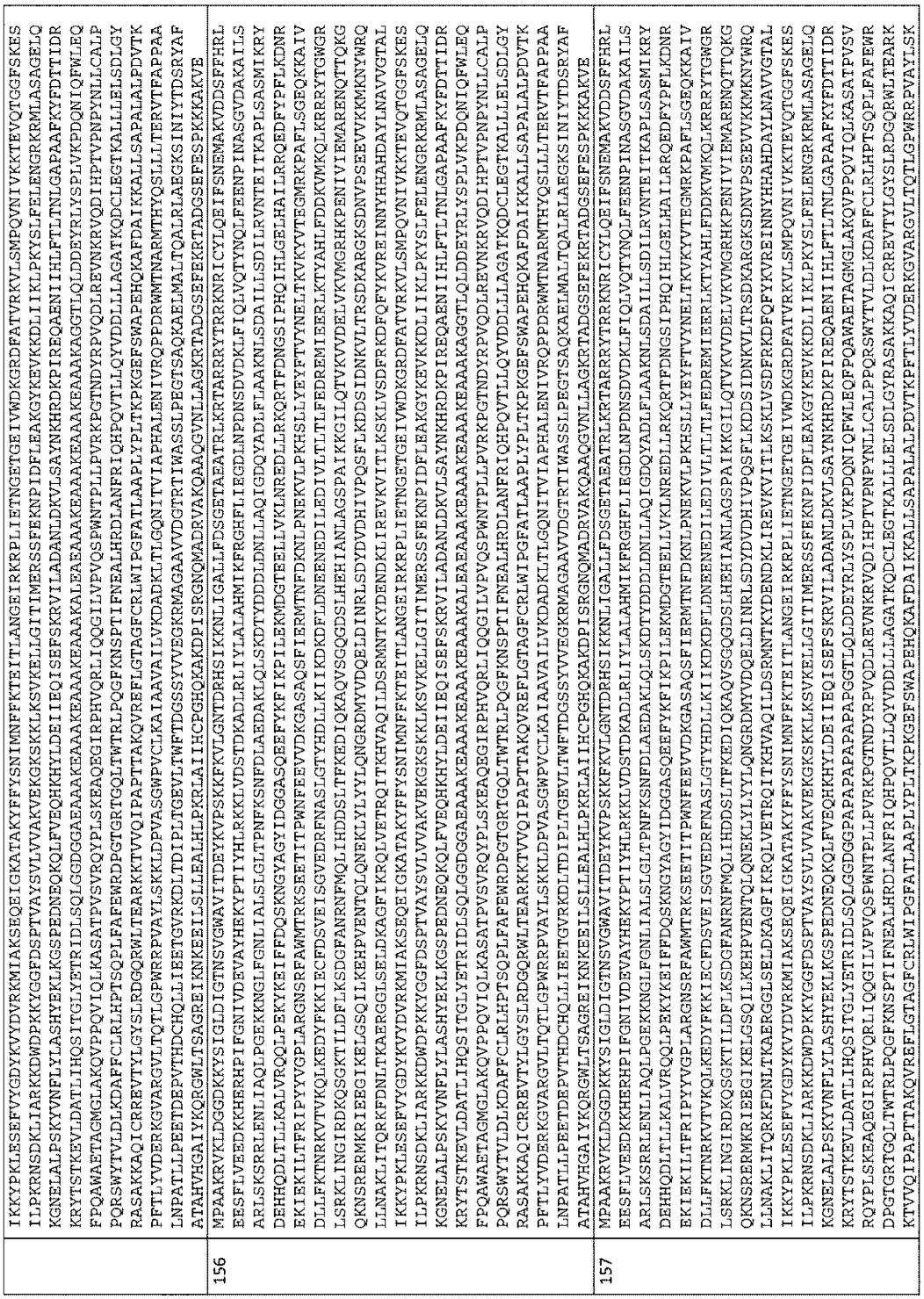
【表Ａ１－１９】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE |
| | AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLIQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA |
| | PTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE |
| | VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 151 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５６２】

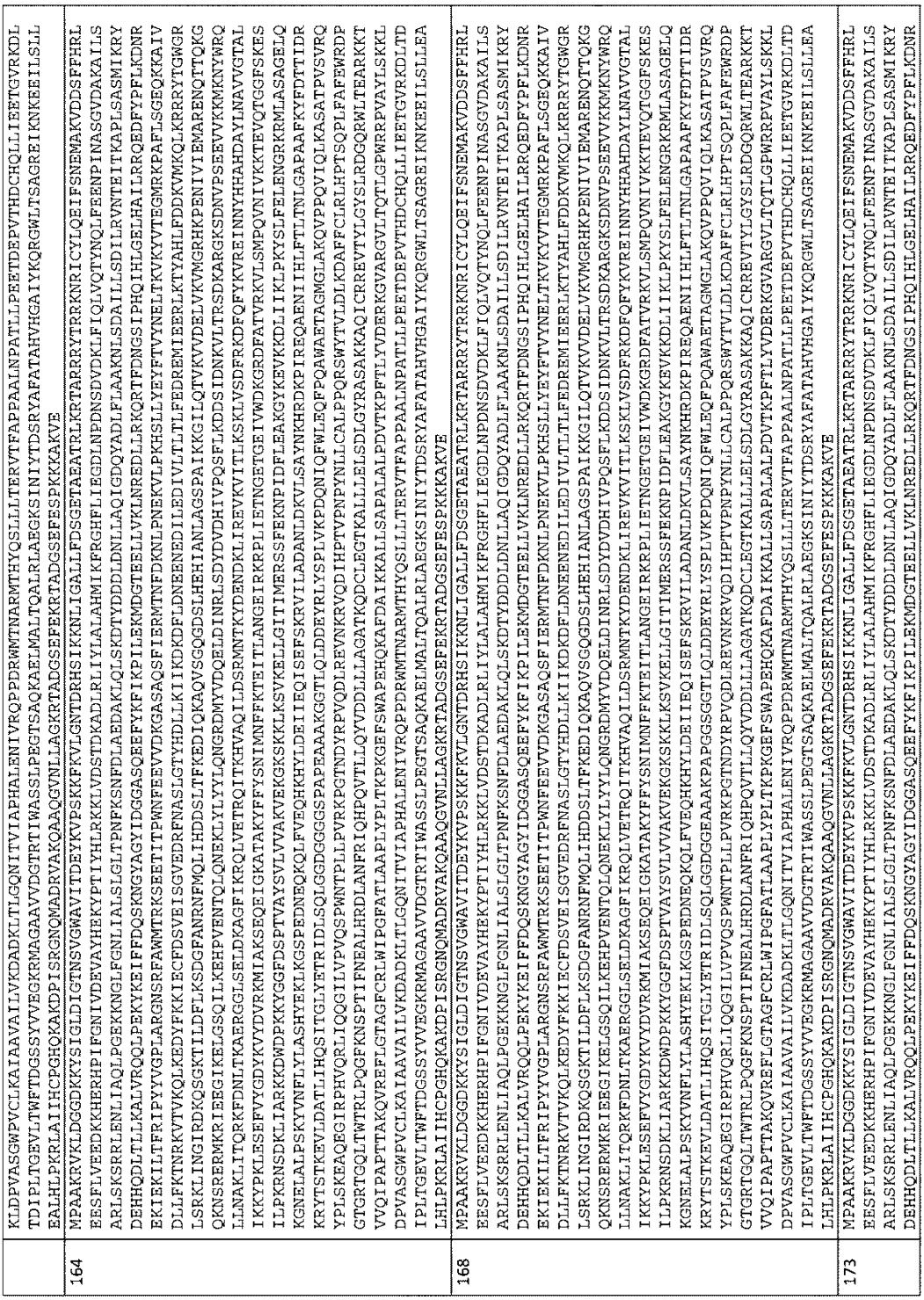
【表Ａ１－２０】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 156 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 157 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPAPAPAPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSV |
| | RQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPFQEWR |
| | DPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARK |
| | KTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK |

【０５６３】

【表Ａ１－２１】



| | |
|---|---|
| | KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDL<br>TDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLL<br>EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 164 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 168 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 173 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５６４】

【表Ａ１－２２】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 190 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

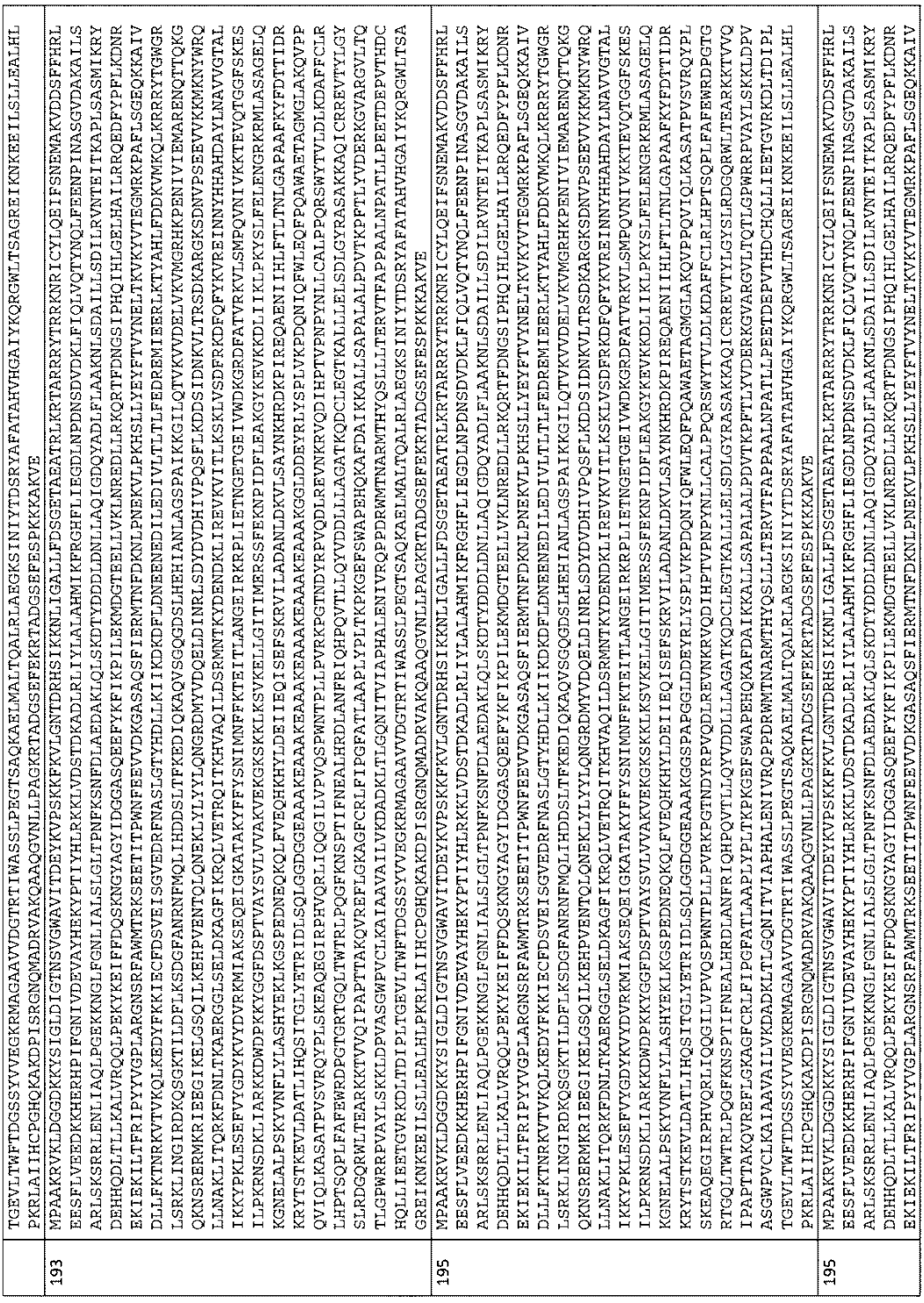
【０５６５】

【表Ａ１－２３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQ |
| | AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR |
| | SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGITGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRAS |
| | AKKAQICRREVTVLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFT |
| | LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNP |
| | ATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATA |
| | HVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 191 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPV |
| | SVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTVLGYSLRDGQRWLTEA |
| | RKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK |
| | DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILS |
| | LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 192 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPEAAAKGGGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |

【０５６６】

【表Ａ１－２４】



| | |
|---|---|
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 193 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPP |
| | QVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRSVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLR |
| | LHPTSQPLFAFEWRDPETGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGY |
| | SLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQ |
| | TLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDC |
| | HQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSA |
| | GREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 195 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 195 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５６７】

【表Ａ１－２５】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQVPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTEVTPERPDAAPLKFPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 196 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 199 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５６８】

【表Ａ１－２６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTVLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 199 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTVLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 202 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGSSGGGSSGGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVR |
| | QYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGTGRTSQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTVLGYSLRDGQRWLTEARKK |
| | TVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５６９】

【表Ａ１－２７】

| | |
|---|---|
| 207 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK<br>EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP<br>APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS<br>GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG<br>EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK<br>RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 208 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK<br>EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP<br>APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS<br>GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG<br>EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK<br>RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 212 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

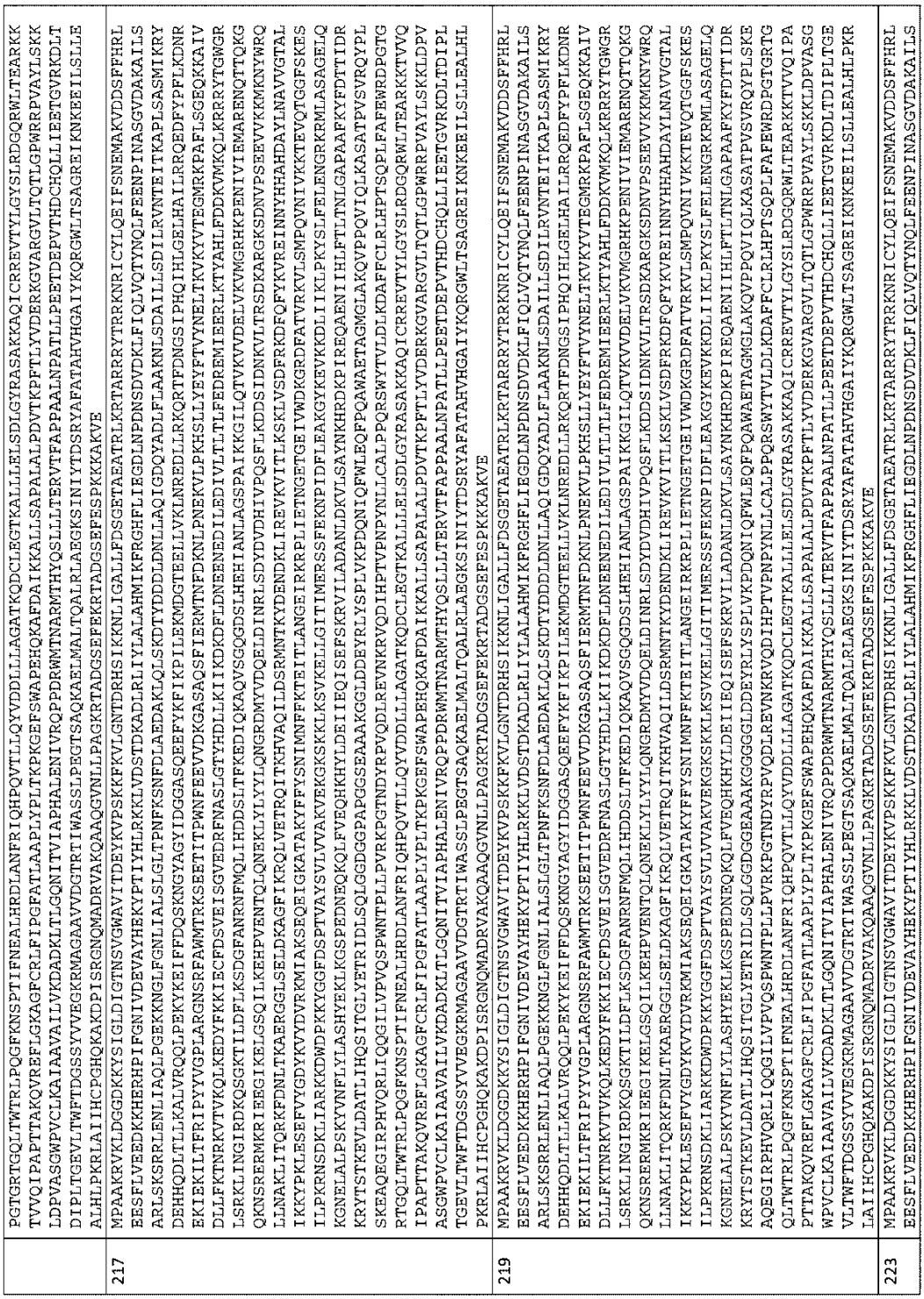
【０５７０】

【表Ａ１－２８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 213 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 216 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVR |
| | QYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０５７１】

【表Ａ１－２９】



| | |
|---|---|
| | PGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKK<br>TVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT<br>DIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE<br>ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 217 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG<br>RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 219 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE<br>AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA<br>PTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE<br>VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR<br>LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 223 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５７２】

【表Ａ１－３０】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPIL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEIISLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 224 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

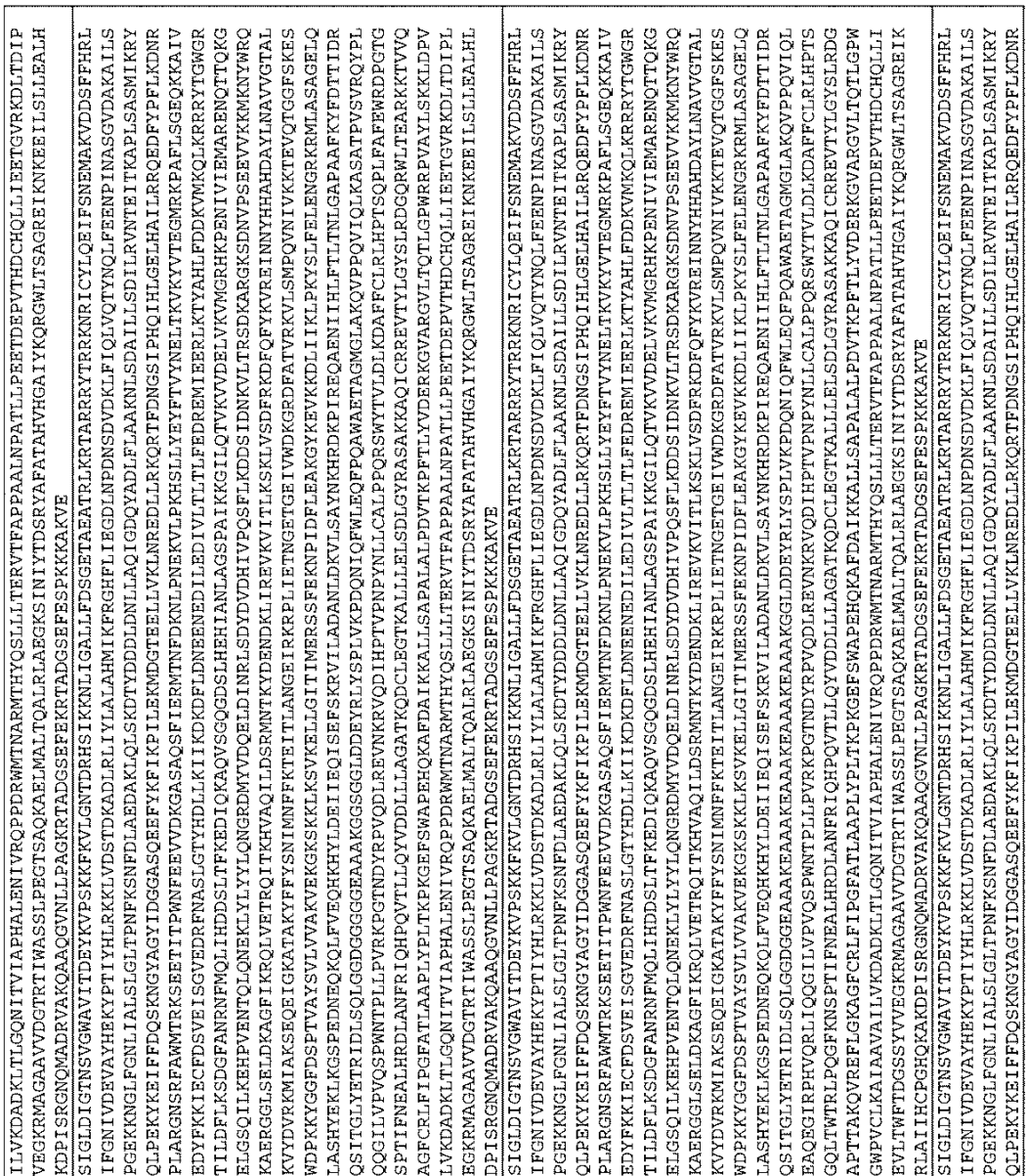
【０５７３】

【表Ａ１－３１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 228 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 228 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 228 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |

【０５７４】

【表Ａ１－３２】



| | |
|---|---|
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 229 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQKLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 232 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLL |
| | KASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTS |
| | QPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDG |
| | QRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLI |
| | EETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIK |
| | NKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 235 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５７５】

【表Ａ１－３３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRELVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 239 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 252 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０５７６】

【表Ａ１－３４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 258 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 268 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |

【０５７７】

【表Ａ１－３５】

| | |
|---|---|
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK<br>RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 278 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 279 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPV<br>SVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE<br>WRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEA<br>RKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL<br>SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK<br>DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILS<br>LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 280 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５７８】

【表Ａ１－３６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 298 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | RKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK |
| | DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILS |
| | LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 299 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５７９】

【表Ａ１－３７】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 300 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 300 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

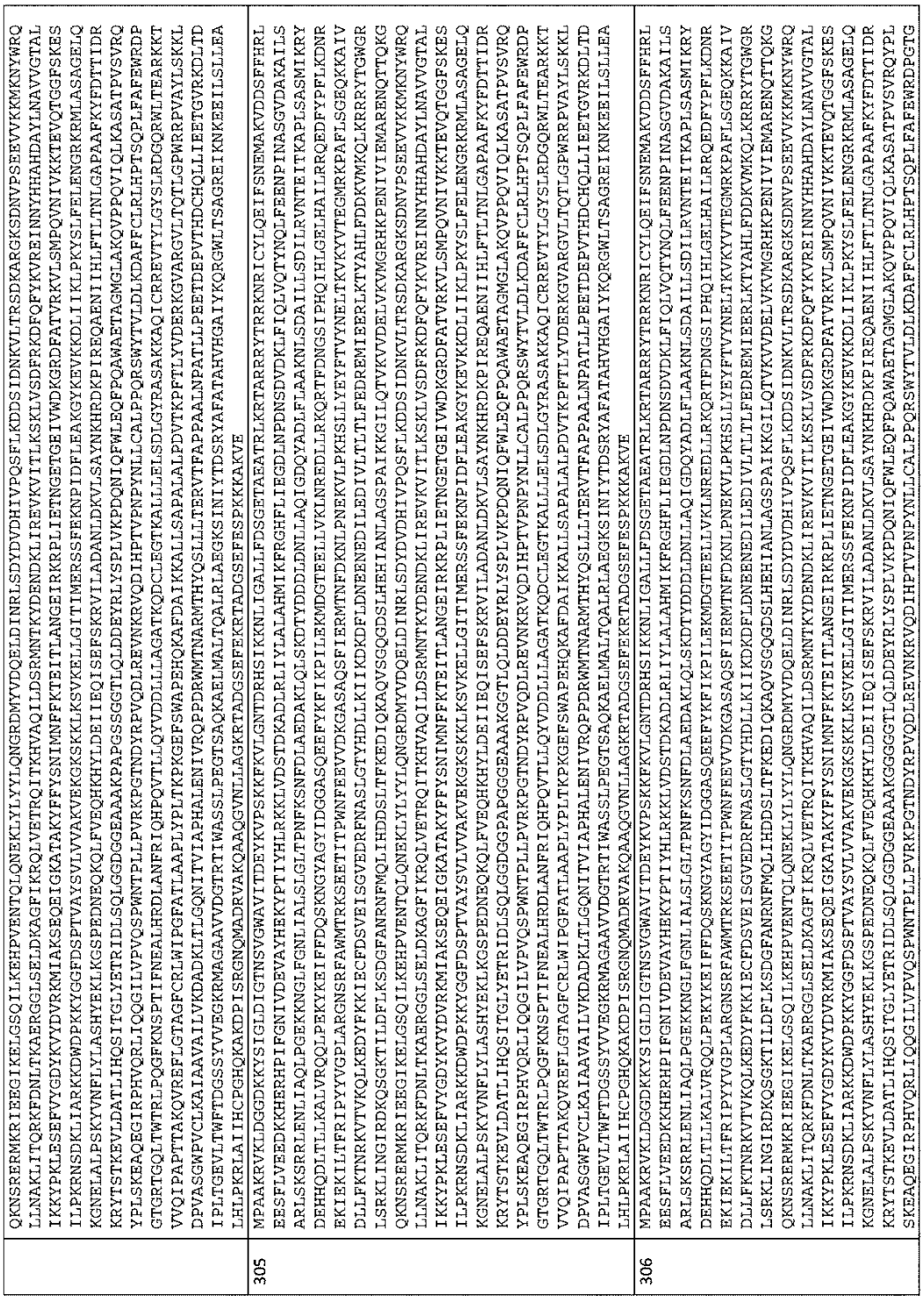
【０５８０】

【表Ａ１－３８】

| | |
|---|---|
| 302 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGL<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKD<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRRE<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 303 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSSGGSSSGGSSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGL<br>AKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKD<br>AFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRRE<br>VTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVA<br>RGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDE<br>PVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQR<br>GWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 304 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５８１】

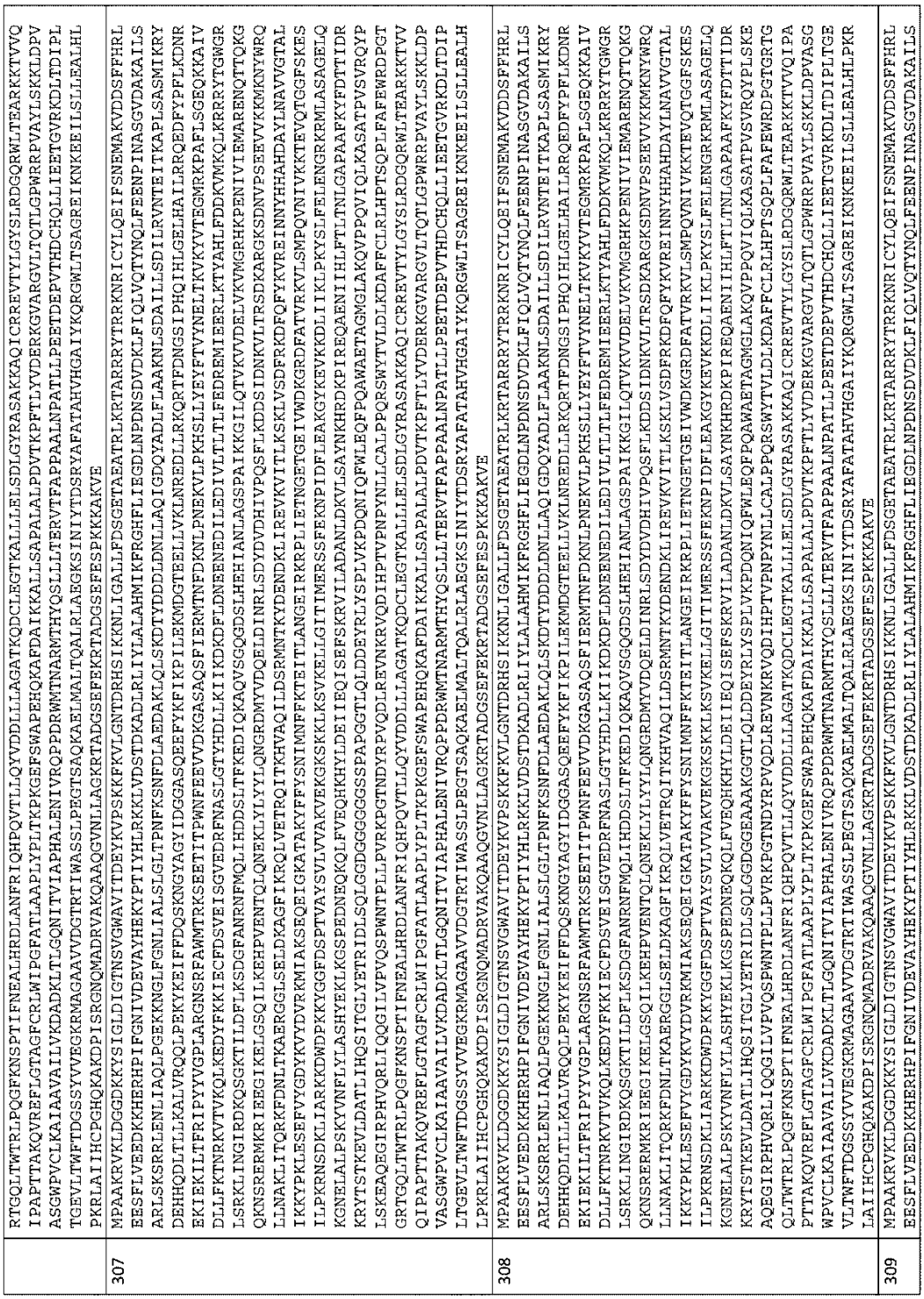
【表Ａ１－３９】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 305 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 306 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |

【０５８２】

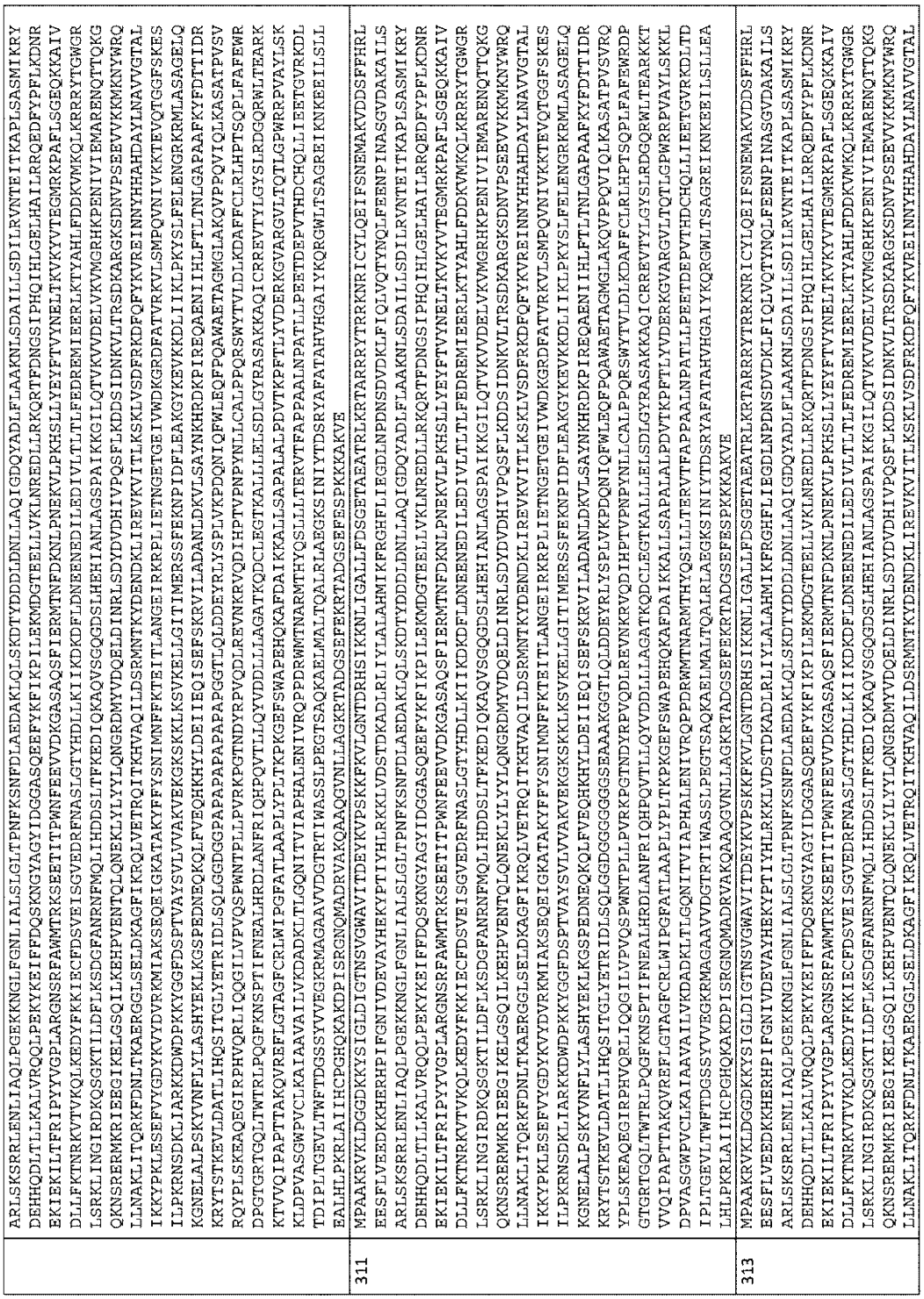
【表Ａ１－４０】



| | |
|---|---|
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 307 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP<br>LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG<br>GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVV<br>QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTIGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP<br>LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH<br>LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 308 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE<br>AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA<br>PTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE<br>VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR<br>LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 309 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５８３】

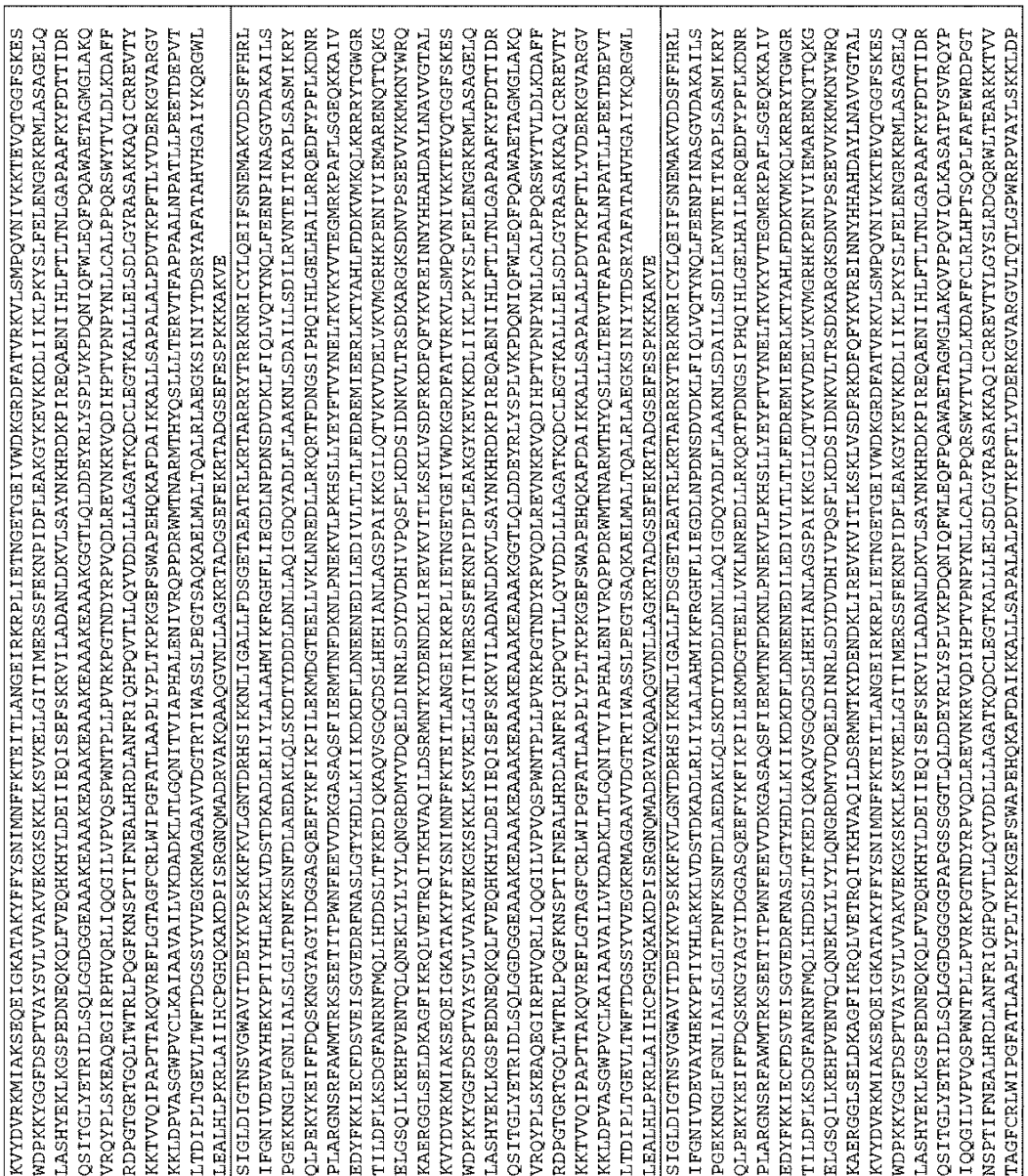
【表Ａ１－４１】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSV |
| | RQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | KTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | TDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 311 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５８４】

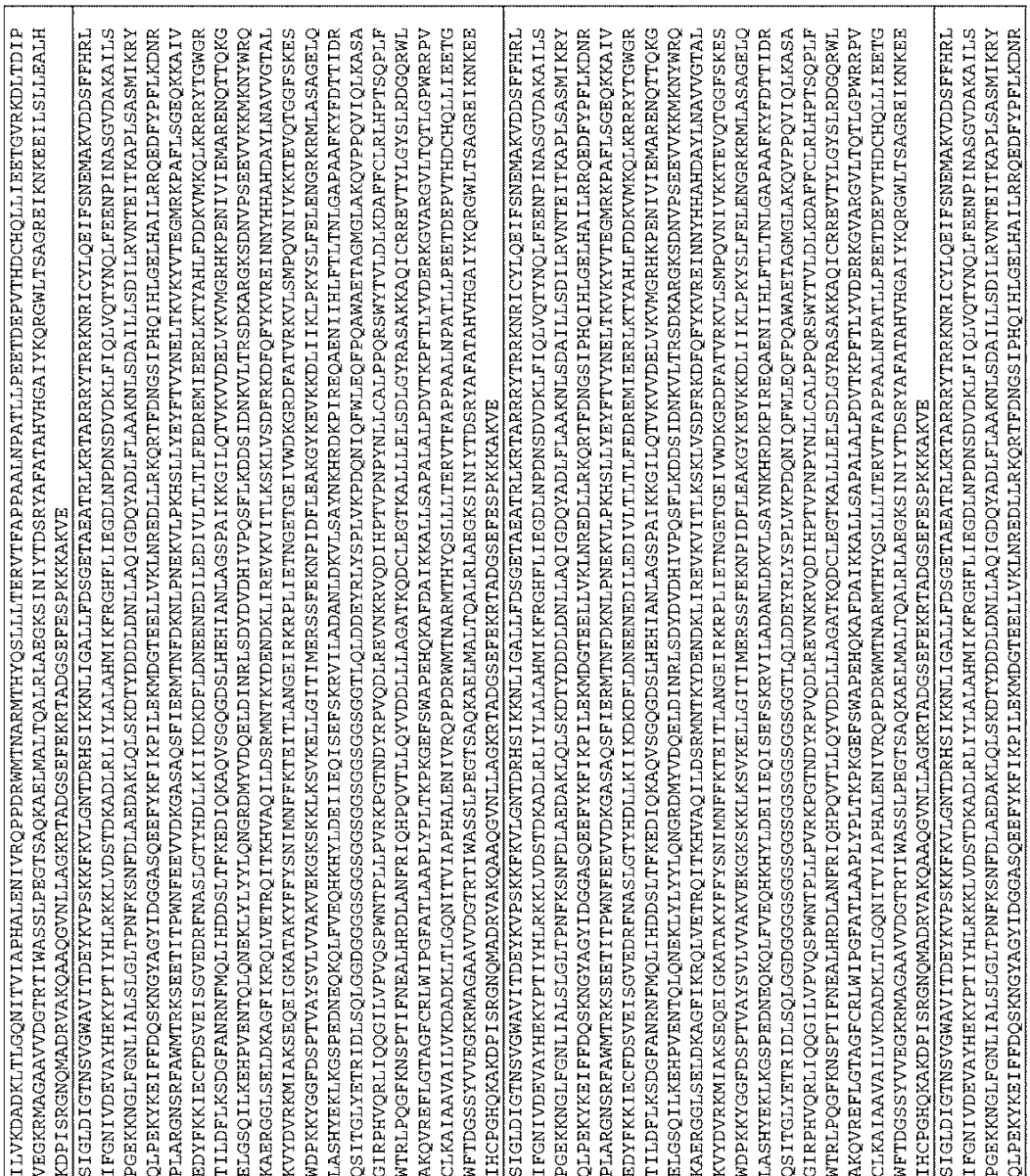
【表Ａ１－４２】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 313 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 314 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |

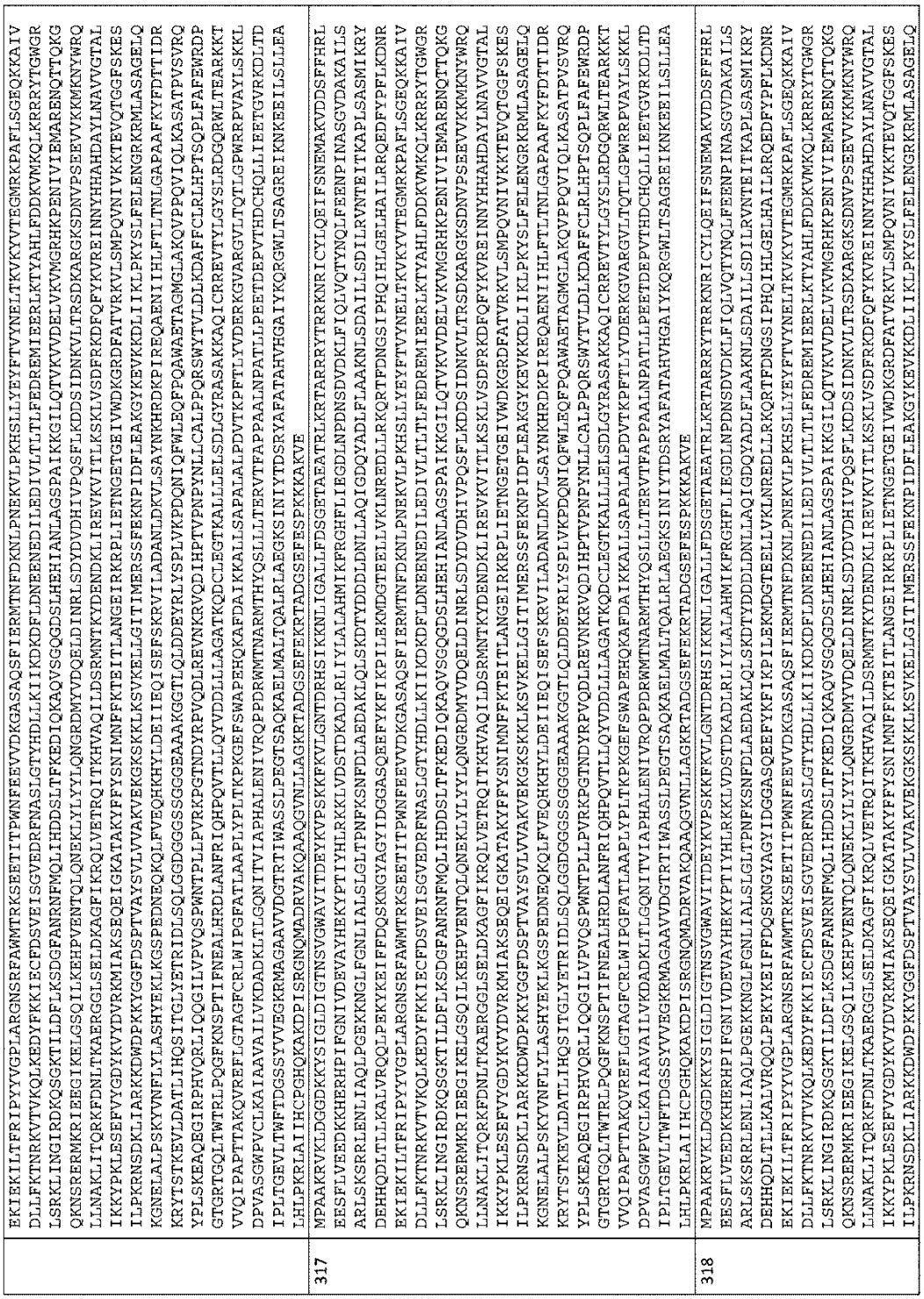
【０５８５】

【表Ａ１－４３】



【０５８６】

【表Ａ１－４４】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 317 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| 318 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

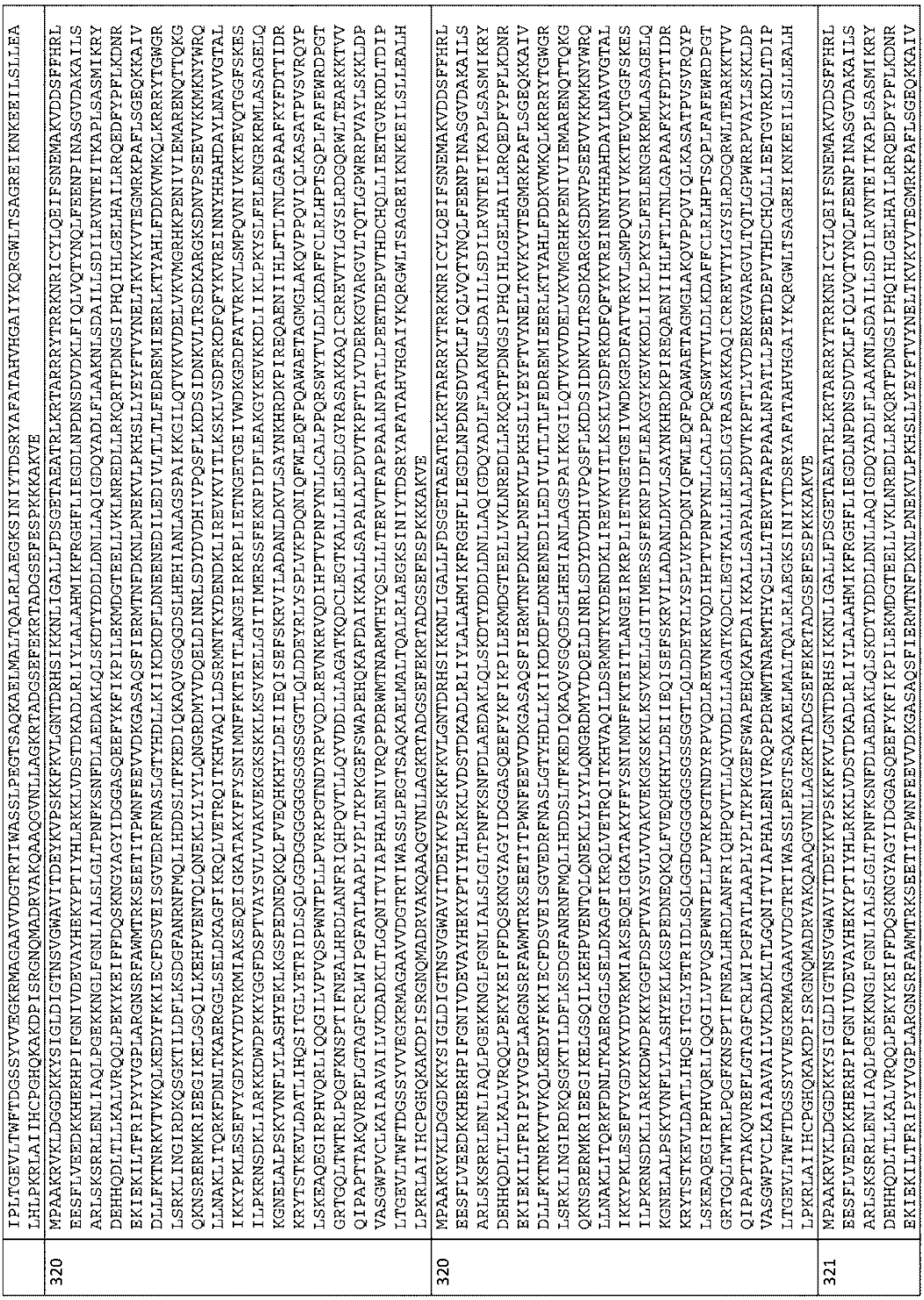
【０５８７】

【表Ａ１－４５】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 318 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 319 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |

【０５８８】

【表Ａ１－４６】



| | |
|---|---|
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 320 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDIANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 320 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDIANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 321 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５８９】

【表Ａ１－４７】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | IPLTGEVLTWFTLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 322 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 324 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５９０】

【表Ａ１－４８】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 328 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATP |
| | VSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTS |
| | ARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVR |
| | KDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEIL |
| | SLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 332 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５９１】

【表Ａ１－４９】

| | |
|---|---|
| 340 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP<br>LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT<br>GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTV<br>QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD<br>VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP<br>LTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH<br>LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 341 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 346 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

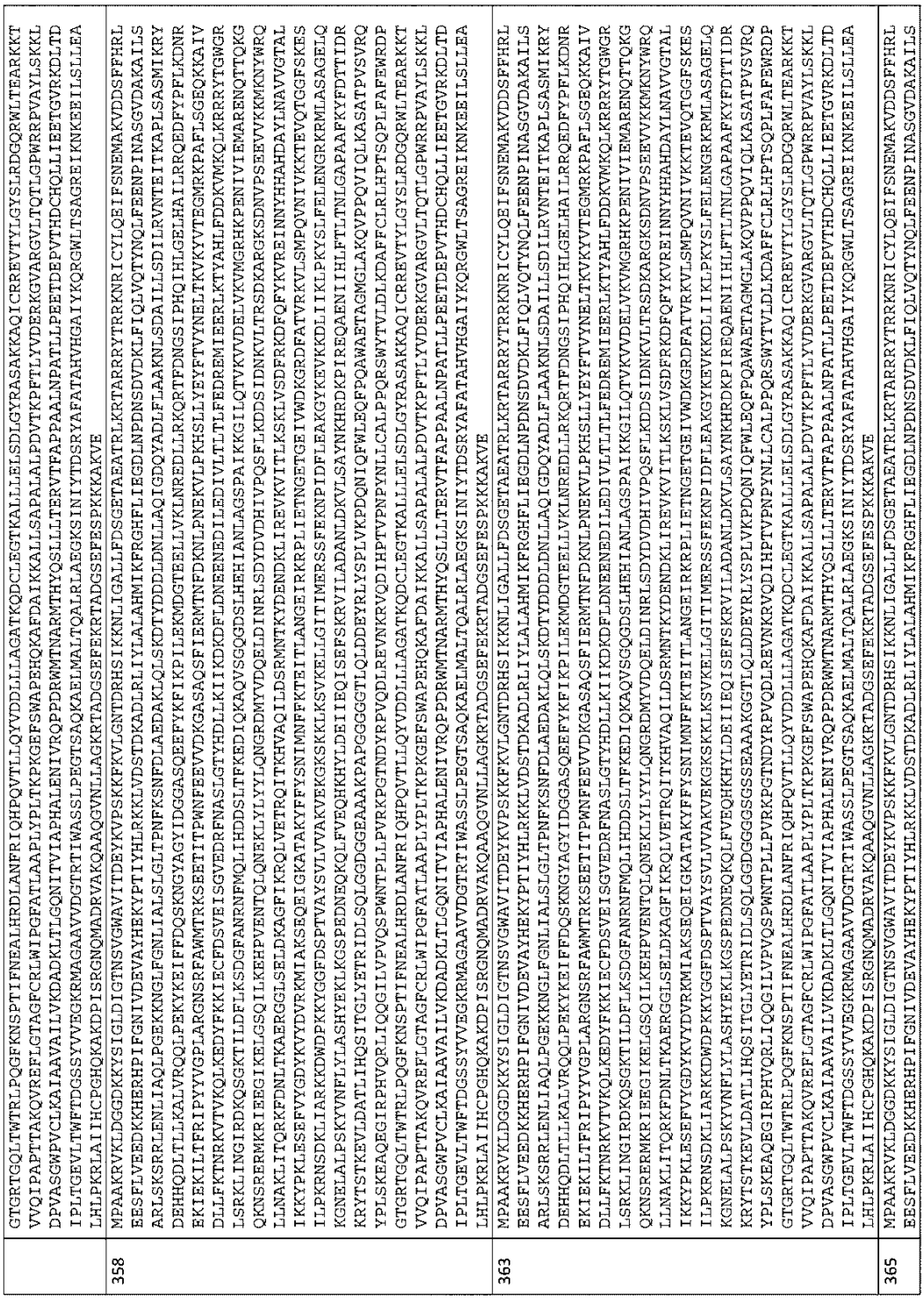
【０５９２】

【表Ａ１－５０】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 352 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 352 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |

【０５９３】

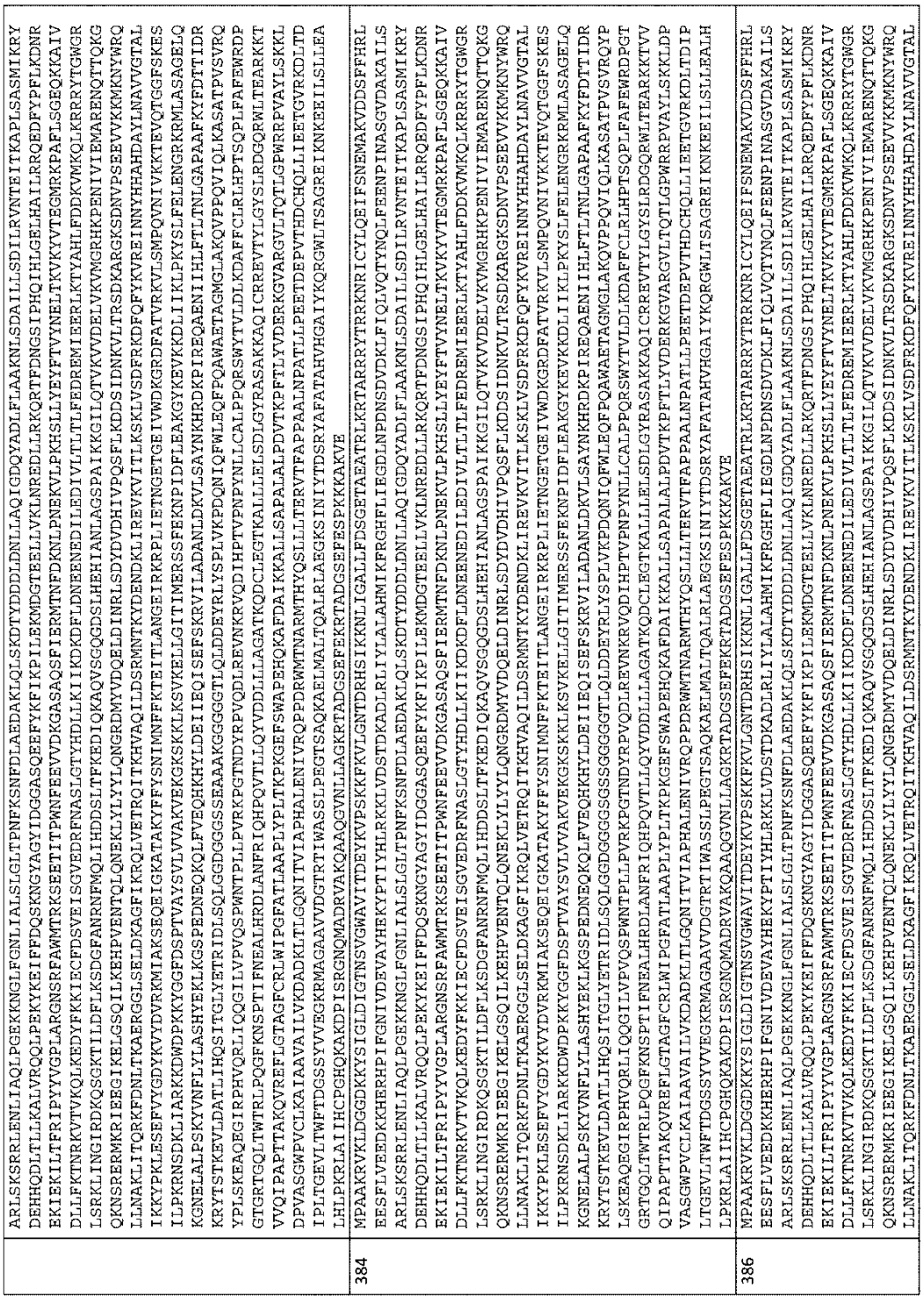
【表Ａ１－５１】



| | |
|---|---|
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 358 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 363 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSININTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 365 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５９４】

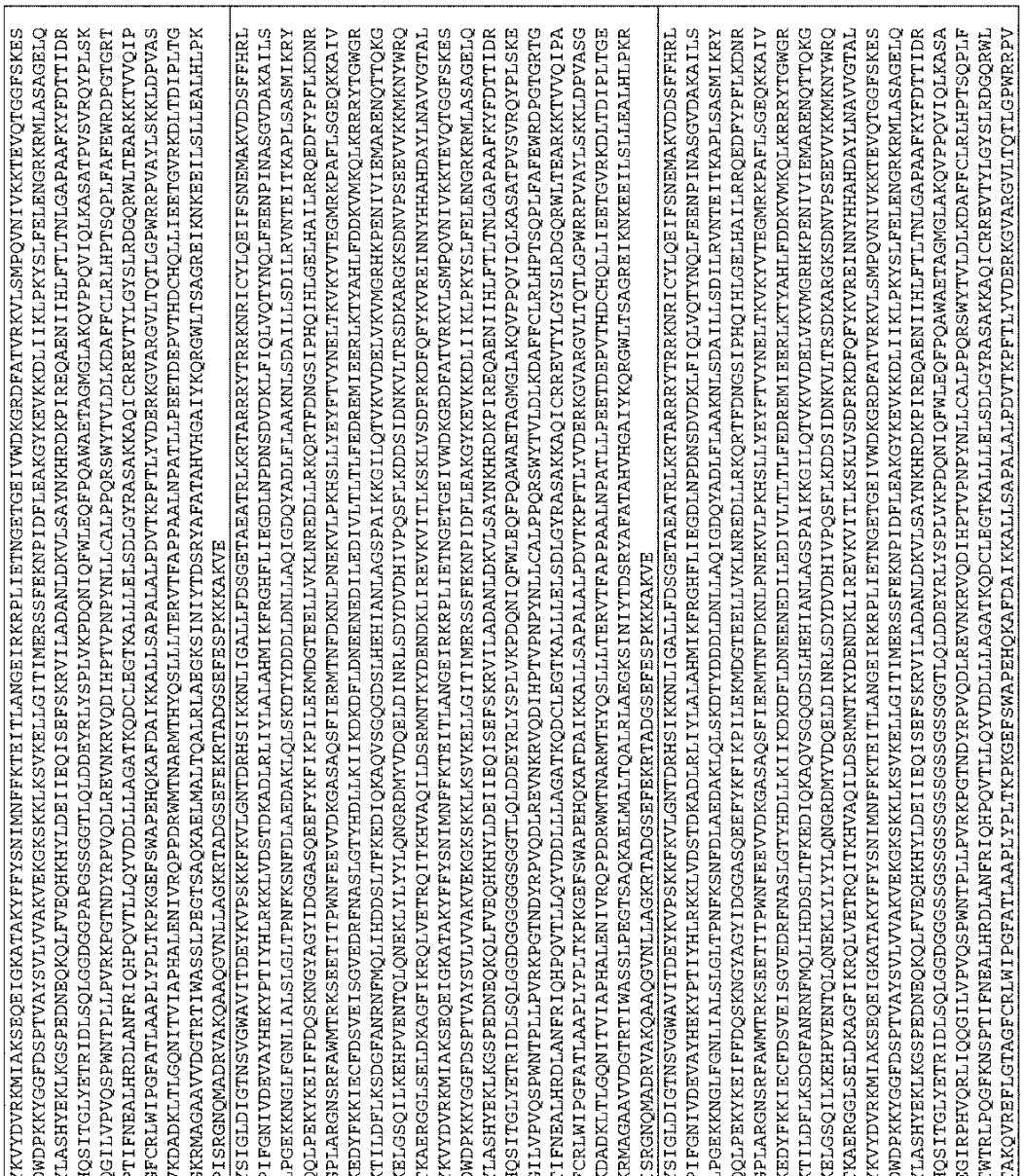
【表Ａ１－５２】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFFQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 384 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５９５】

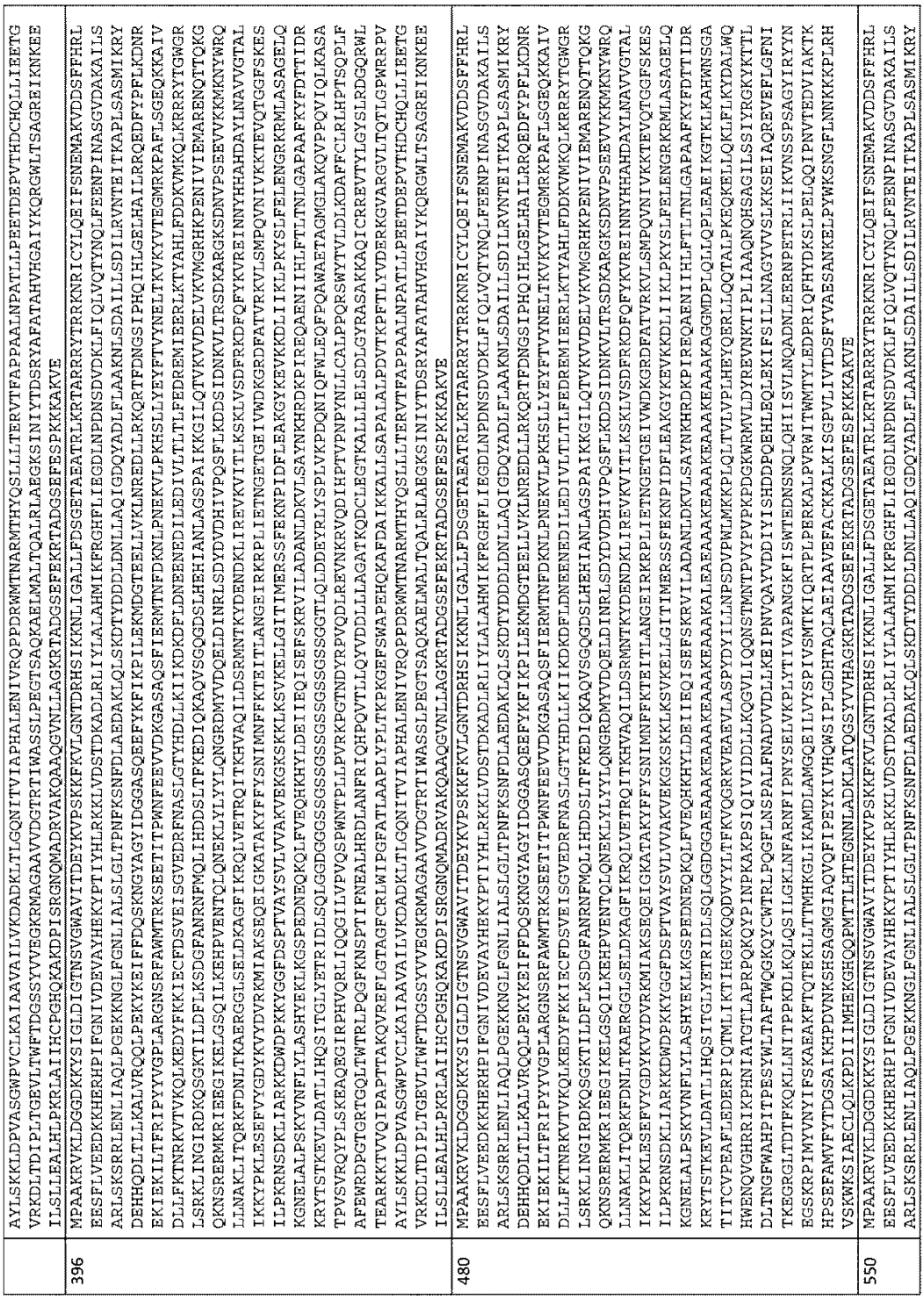
【表Ａ１－５３】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 392 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE |
| | AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA |
| | PTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE |
| | VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 396 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSSGGSSGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |

【０５９６】

【表Ａ１－５４】



| | |
|---|---|
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG<br>VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE<br>ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 396 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGSSGSSGSSGSSGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASA<br>TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF<br>AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL<br>TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV<br>AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG<br>VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE<br>ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 480 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKAGGMDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGA<br>TITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQ<br>HWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNTPVPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTL<br>DLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNI<br>TKEGRGLTDTFKQKLNITPPKDLKQLQSILGKLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYN<br>EGSKRPIMVYNYIFSKAEAKFTQTEKLLTTWHKGLIKAMDLAMGQEIILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTK<br>HPSEFAMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRH<br>VSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVHAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 550 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |

【０５９７】

【表Ａ１－５５】

| | |
|---|---|
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFL |
| | KYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVTPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFR |
| | GKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEV |
| | EFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYTITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLERNPEVRLIMKVNTSPSA |
| | GYIRFYNEFAKRPIMTLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTD |
| | DIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNN |
| | KKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 590 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGMDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPI |
| | KNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHI |
| | ATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESY |
| | WLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVFLGFNITKEGRGLTETFKQKLL |
| | NITPPRDLKQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYTITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVVTK |
| | AEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAI |
| | KHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPD |
| | IIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 591 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |

【０５９８】

【表Ａ１－５６】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGAGGMDPLQLLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGA |
| | TITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQ |
| | HWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTL |
| | DLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNI |
| | TKEGRGLTETFKQKLNITPPRDLKQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFVN |
| | EFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIK |
| | HPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLJVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKH |
| | VSKWKSIADCIQLKPDIIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 647 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGAGGMDPLQLLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGA |
| | TITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQ |
| | HWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTL |
| | DLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNI |
| | TKEGRGLTETFKQKLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFVN |
| | EFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIK |
| | HPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLJVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKH |
| | VSKWKSIADCIQLKPDIIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 715 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGAGGMDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADIT |
| | CVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLDLEFQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWE |

【０５９９】

【表Ａ１－５７】

| | |
|---|---|
| | NQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSVIGLSSLFKGRYKTTIDLS |
| | NGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFTGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVVISHDSEKEHLEYLDILIFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNE |
| | GRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSIIGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSTKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGE |
| | KKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVTSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFVDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSN |
| | FQHIFYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISK |
| | WKSVADLKRLRPDVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVHAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 800 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYV |
| | PMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWWTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATILPVESEATPVHRCSEILAETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 801 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKAGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLF |
| | PTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPP |
| | SHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYR |
| | VSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKP |
| | FTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWWTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVL |
| | NPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFAT |
| | AHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKV |
| | E |

【０６００】

【表Ａ１－５８】

| | |
|---|---|
| 804 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKE<br>SKEARERGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTG<br>NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPP<br>IPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRDLKDQPLPGV<br>PGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKEV<br>KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 805 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKE<br>AREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKITPP<br>PTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>WPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRDLKDQPLPGV<br>PAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKEV<br>AIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 806 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

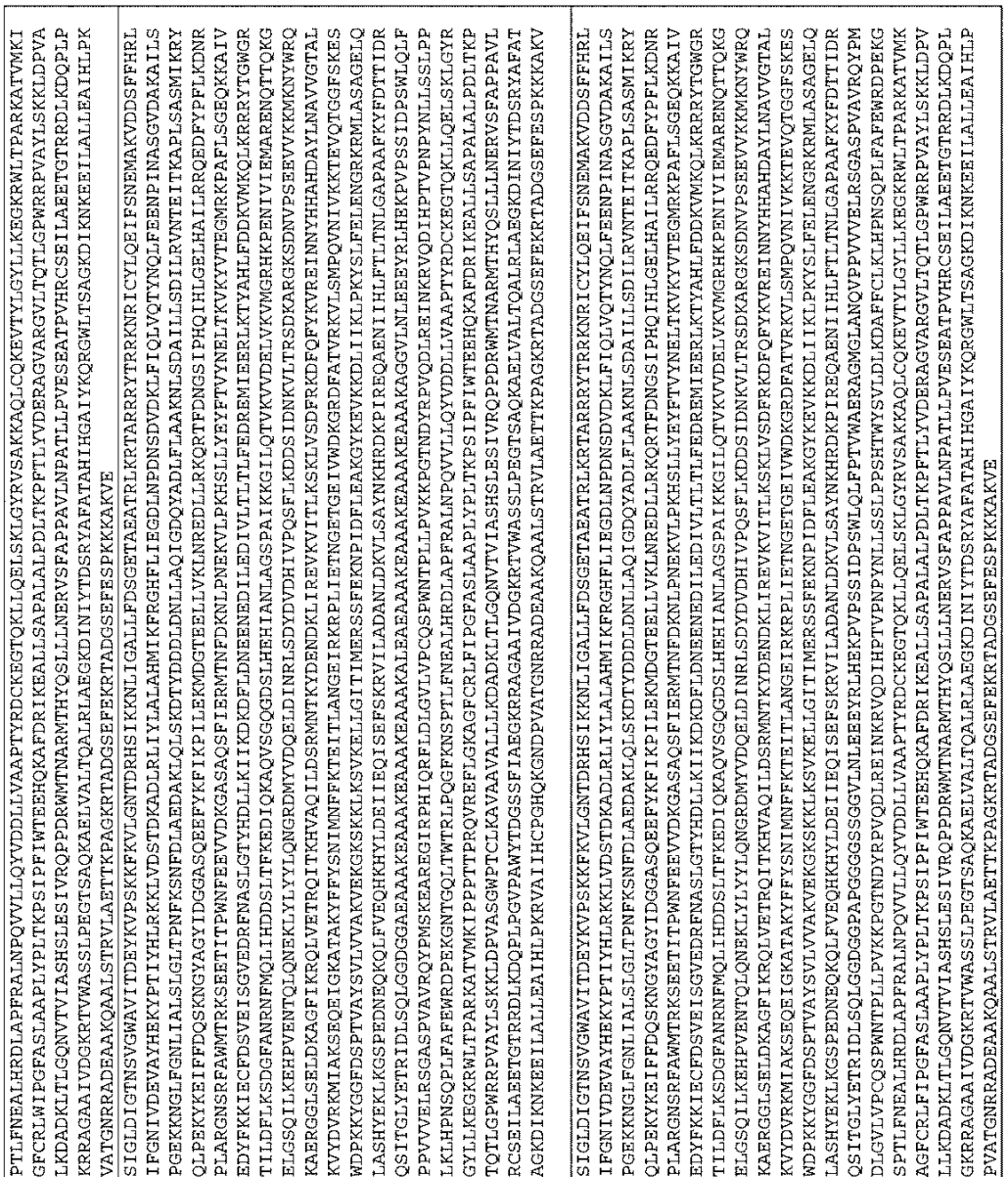
【０６０１】

【表Ａ１－５９】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVELRSGASPV |
| | AVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFELDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFE |
| | WRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPA |
| | RKATVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTR |
| | DLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILAL |
| | LEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 818 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVELRSGASPVAVRQYPMS |
| | KEARERGIRPHIQRFELDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |

【０６０２】

【表Ａ１－６０】



| | |
|---|---|
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI |
| | PPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | SGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLP |
| | GVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPK |
| | RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAKEAAAKEAAAKALEADAAAKEAAAKEAAAKAGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLF |
| | PTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPP |
| | SHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRAINPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLIQELSKLGYR |
| | VSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKP |
| | FTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVL |
| | NPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFAT |
| | AHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKV |
| | E |
| 872 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPAPGGGGSSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | SKEARERGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG |
| | NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK |
| | IPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPL |
| | PGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

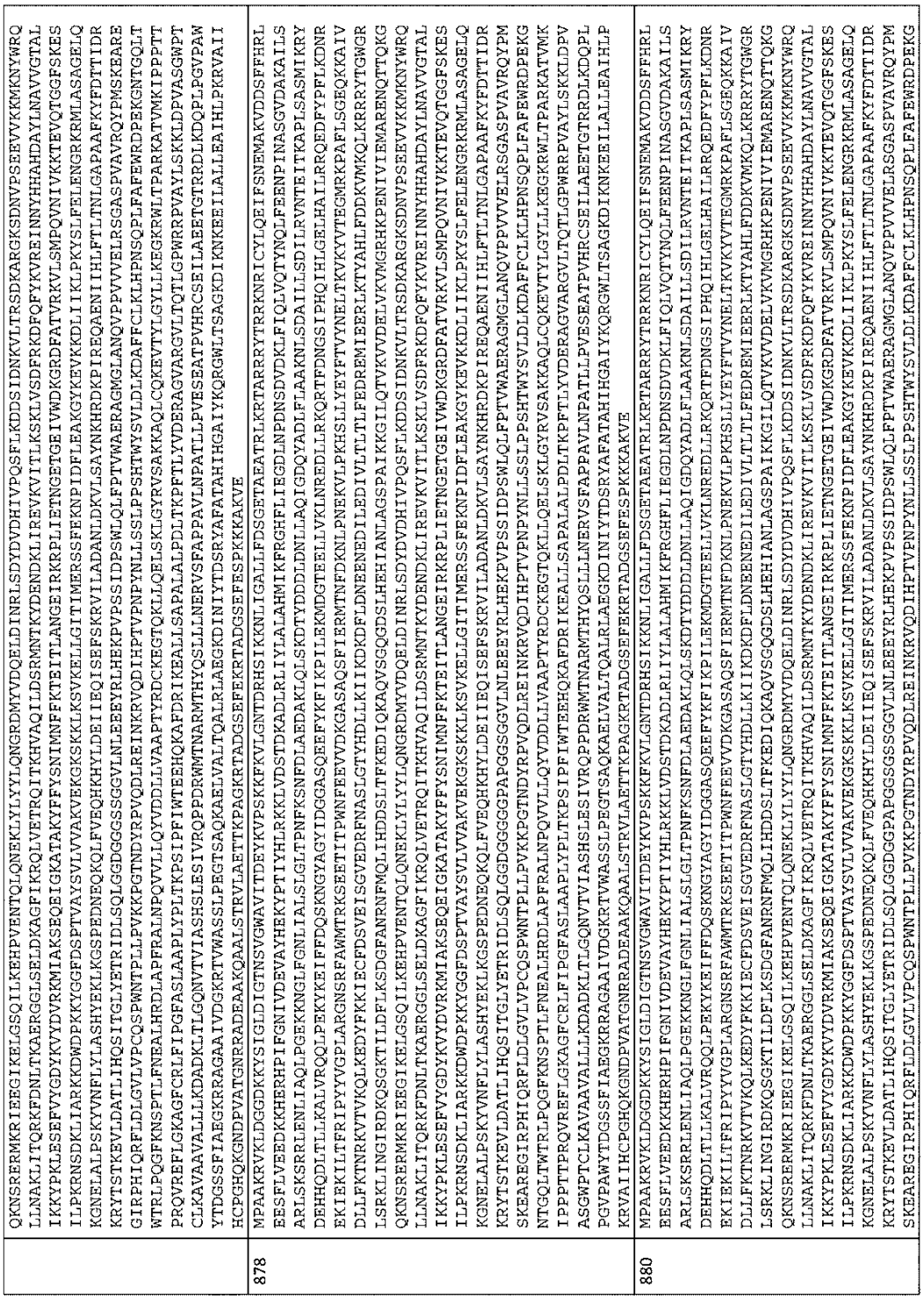
【０６０３】

【表Ａ１－６１】

| | |
|---|---|
| 873 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>ELRSGASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHP<br>NSQPLFAFEWRDDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLK<br>EGKRWLTPARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLG<br>PWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATILPVESEATPVHRCSEI<br>LAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDI<br>KNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>PMSKEARERGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE<br>KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV<br>MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ<br>PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH<br>LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSSEFESPKKKAKVE |
| 876 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６０４】

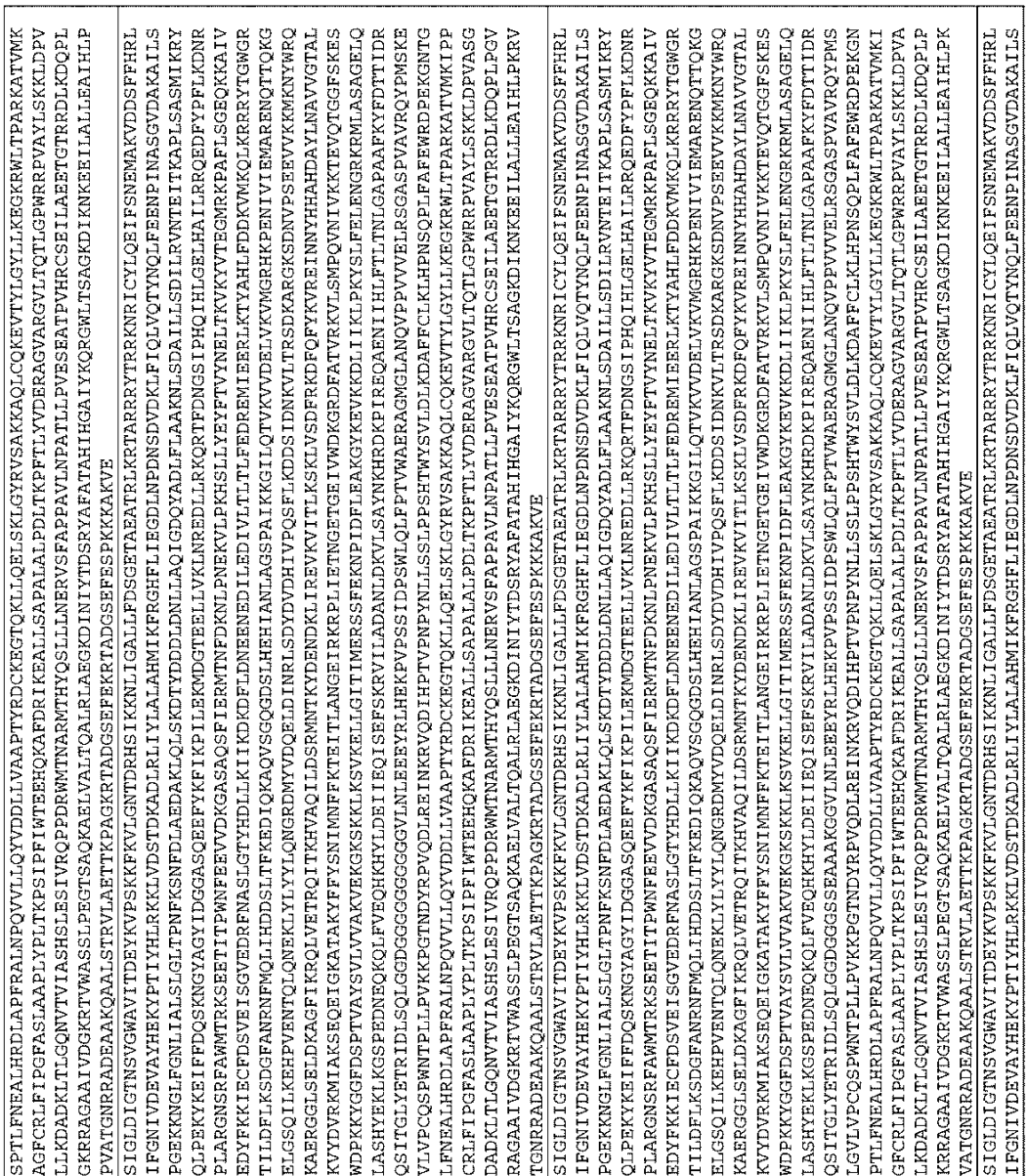
【表Ａ１－６２】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEARE |
| | GIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLT |
| | WTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPPTT |
| | PRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPT |
| | CLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAW |
| | YTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAII |
| | HCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 878 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | SKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG |
| | NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK |
| | IPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPL |
| | PGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 880 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGSSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | SKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG |

【０６０５】

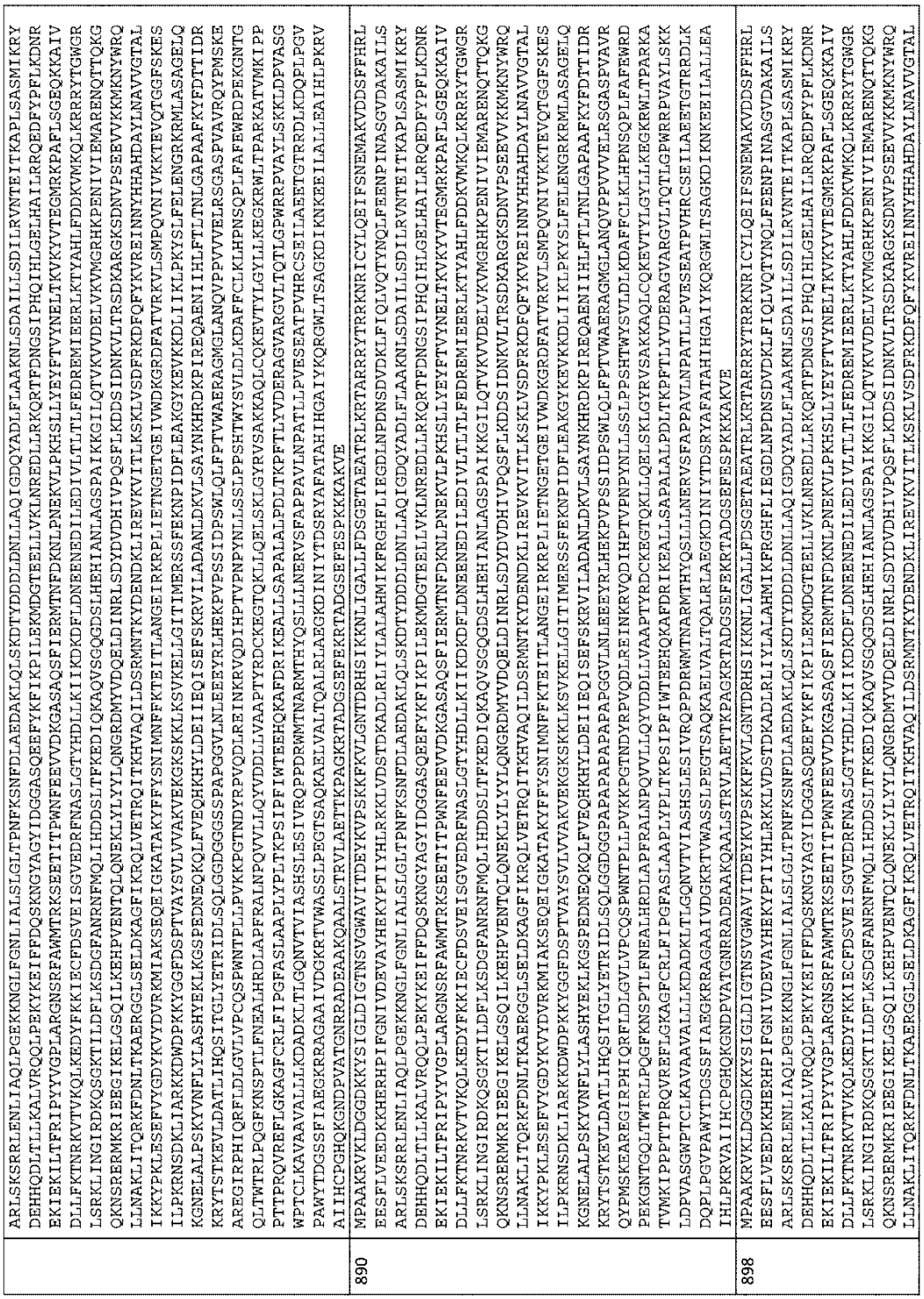
【表Ａ１－６３】



| | |
|---|---|
| | NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTVRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK |
| | IPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLVVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPL |
| | PGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 882 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS |
| | KEARGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI |
| | PPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLVVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | SGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLP |
| | GVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALLEAIHLPK |
| | RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 884 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６０６】

【表Ａ１－６４】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKE |
| | AREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPP |
| | PTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRDLKDQPLPGV |
| | PAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRV |
| | AIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 890 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

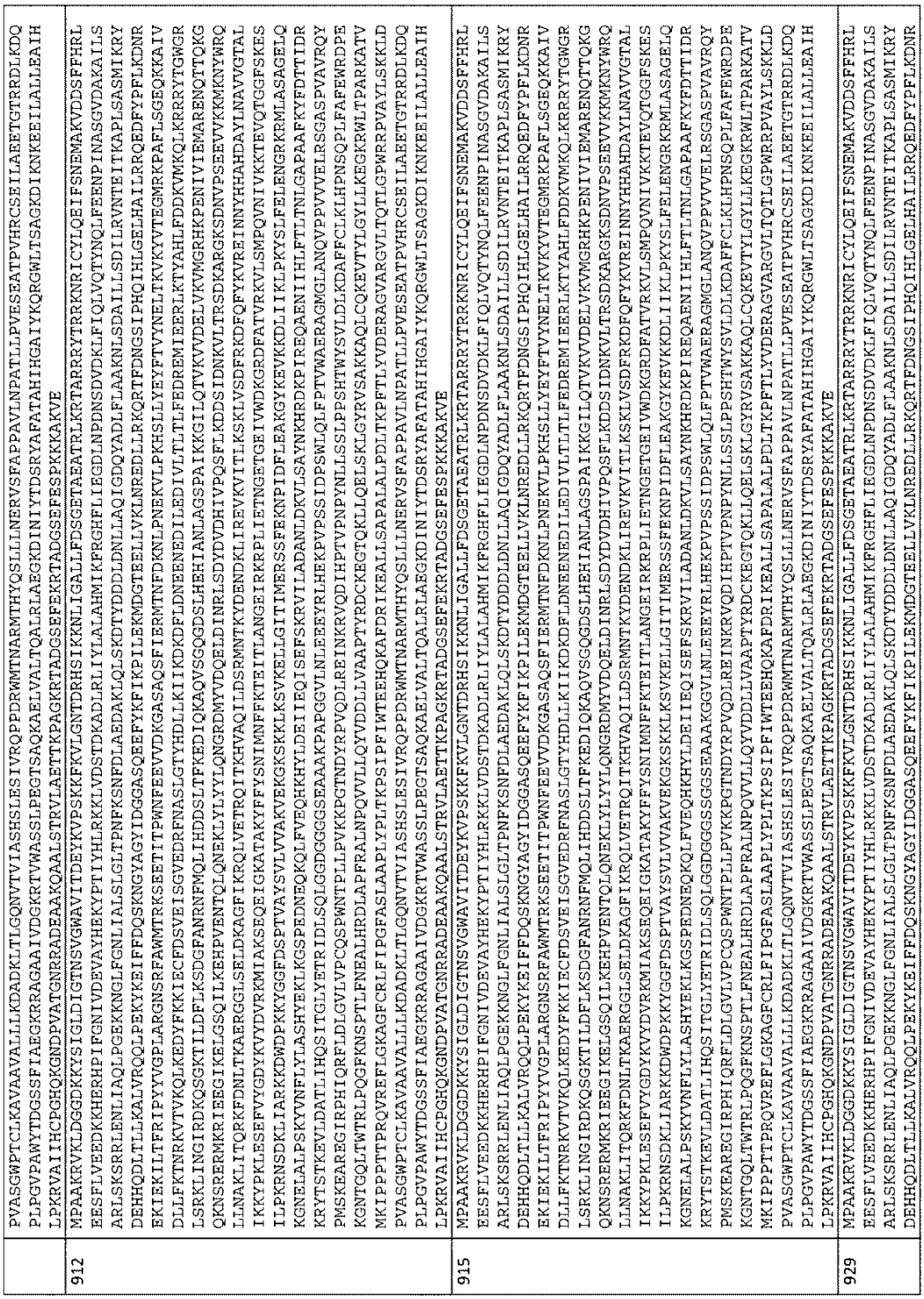
【０６０７】

【表Ａ１－６５】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAITH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 900 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVA |
| | VRQYPMSKEARGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEW |
| | RDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPAR |
| | KATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRD |
| | LKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALL |
| | EAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 901 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |

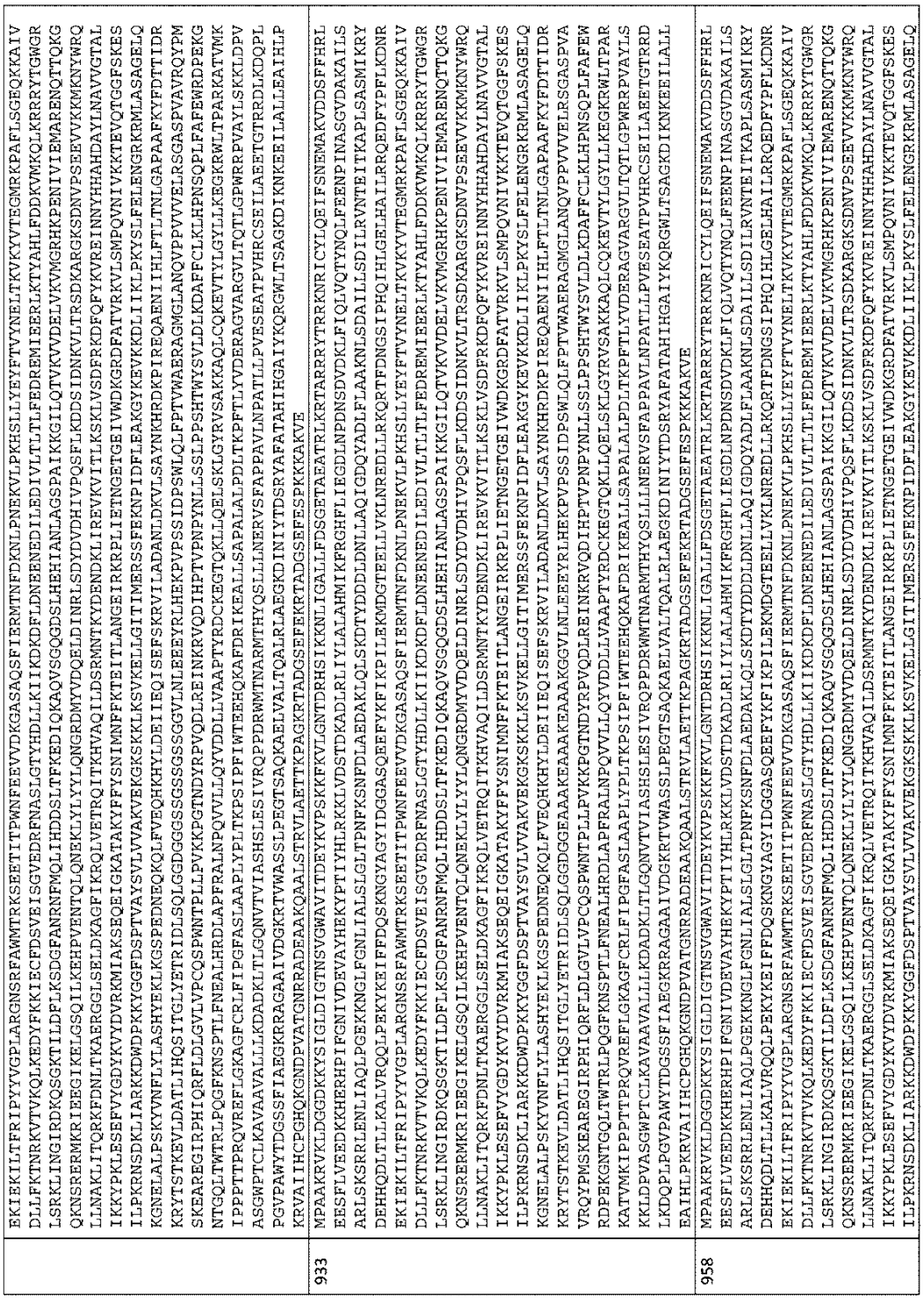
【０６０８】

【表Ａ１－６６】



【０６０９】

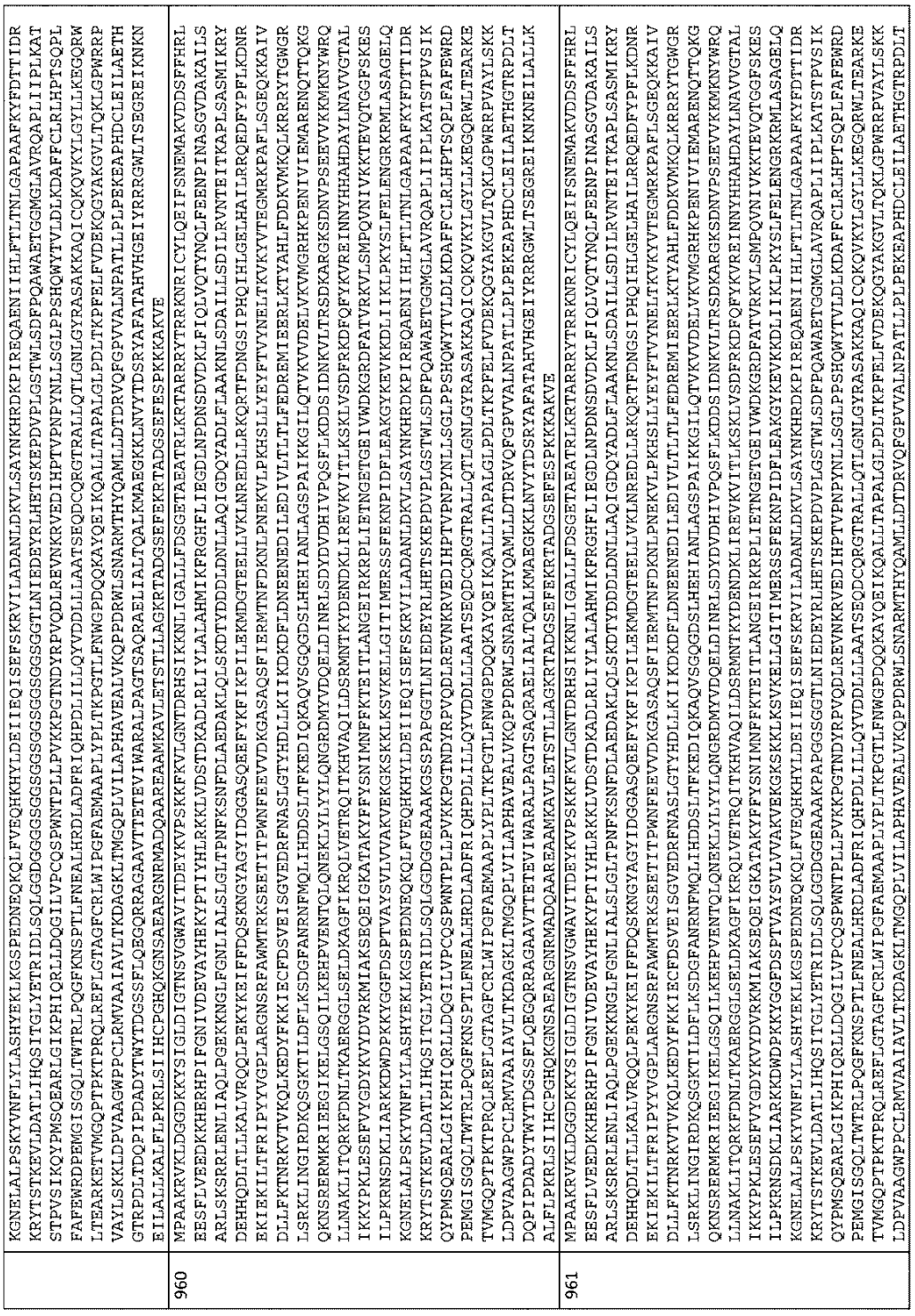
【表Ａ１－６７】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | IPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRDLKDQPI |
| | PGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 933 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | VRQYPMSKEARESGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEW |
| | RDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPAR |
| | KATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRD |
| | LKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALL |
| | EAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 958 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

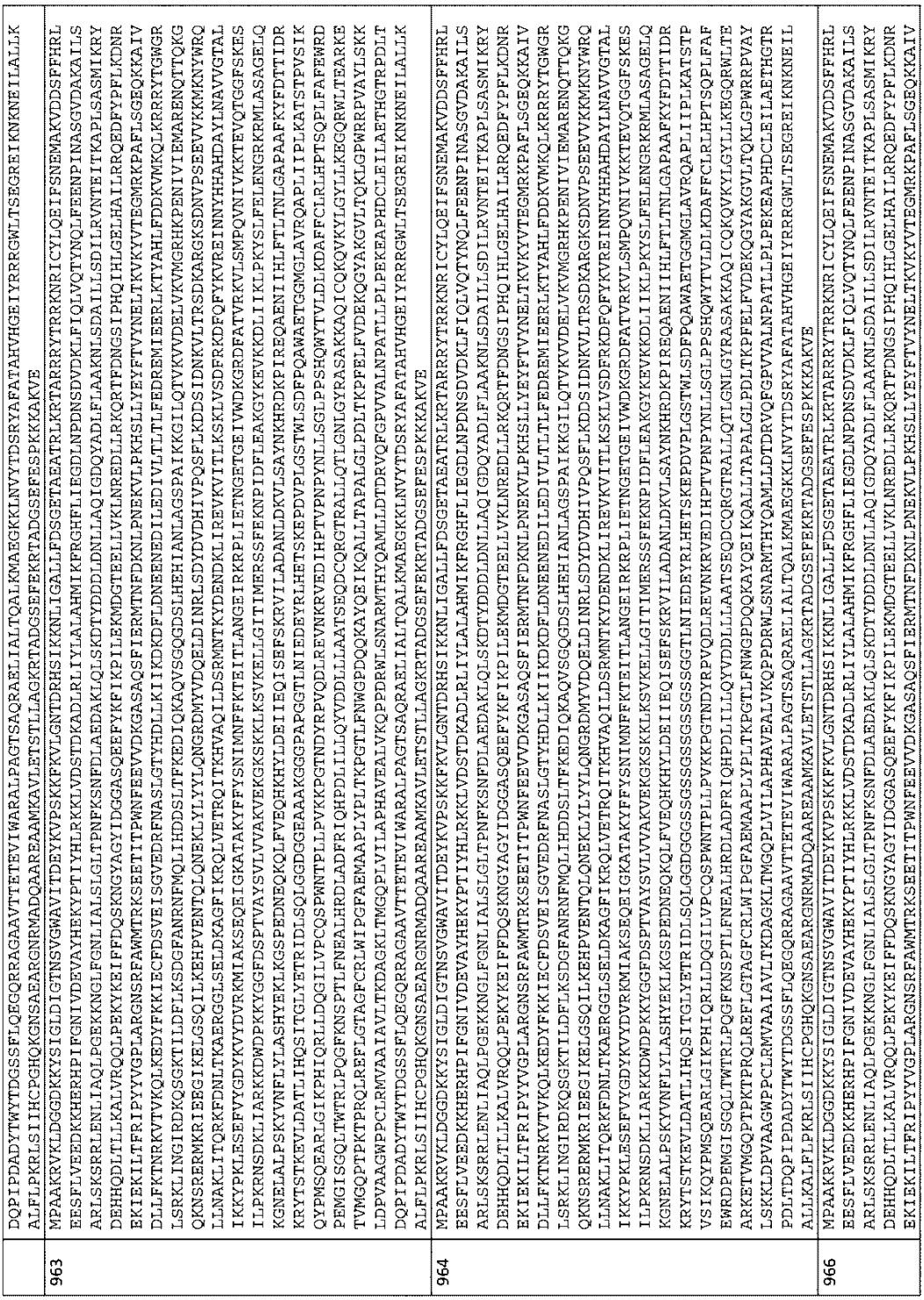
【０６１０】

【表Ａ１－６８】



【０６１１】

【表Ａ１－６９】



| | |
|---|---|
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 963 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 964 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTR |
| | PDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 966 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

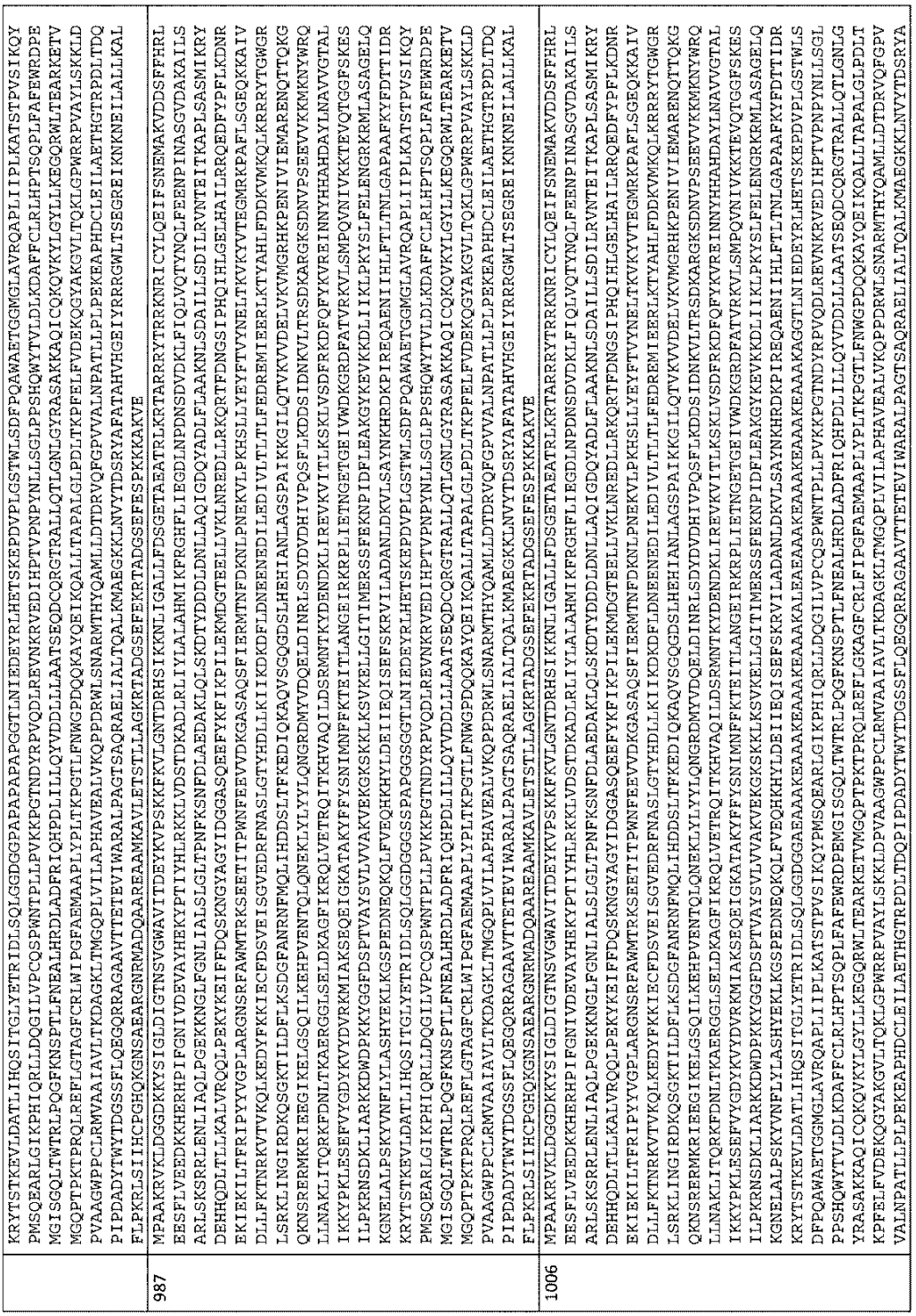
【０６１２】

【表Ａ１－７０】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTQQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 967 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 978 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６１３】

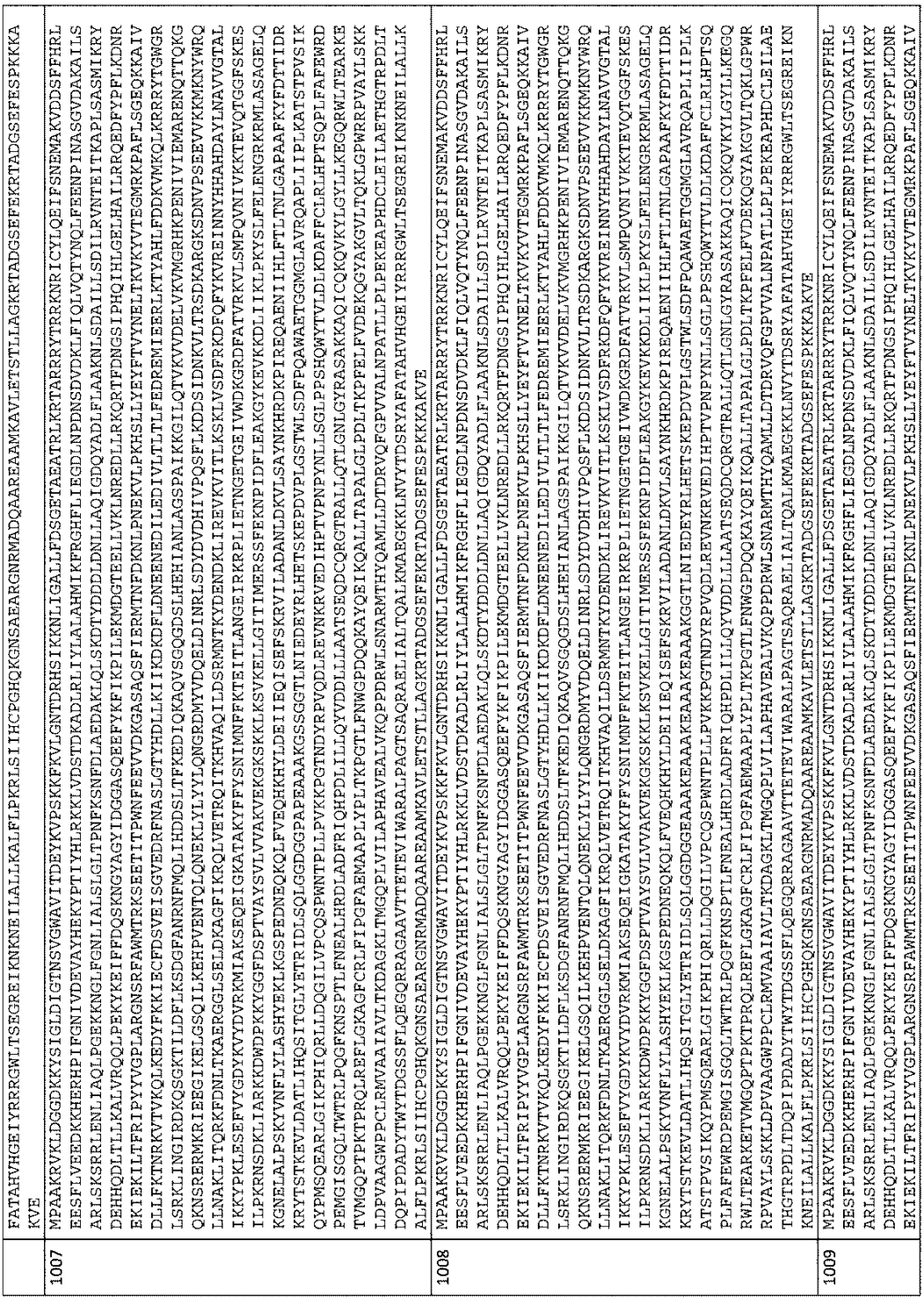
【表Ａ１－７１】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 987 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGSGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1006 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |

【０６１４】

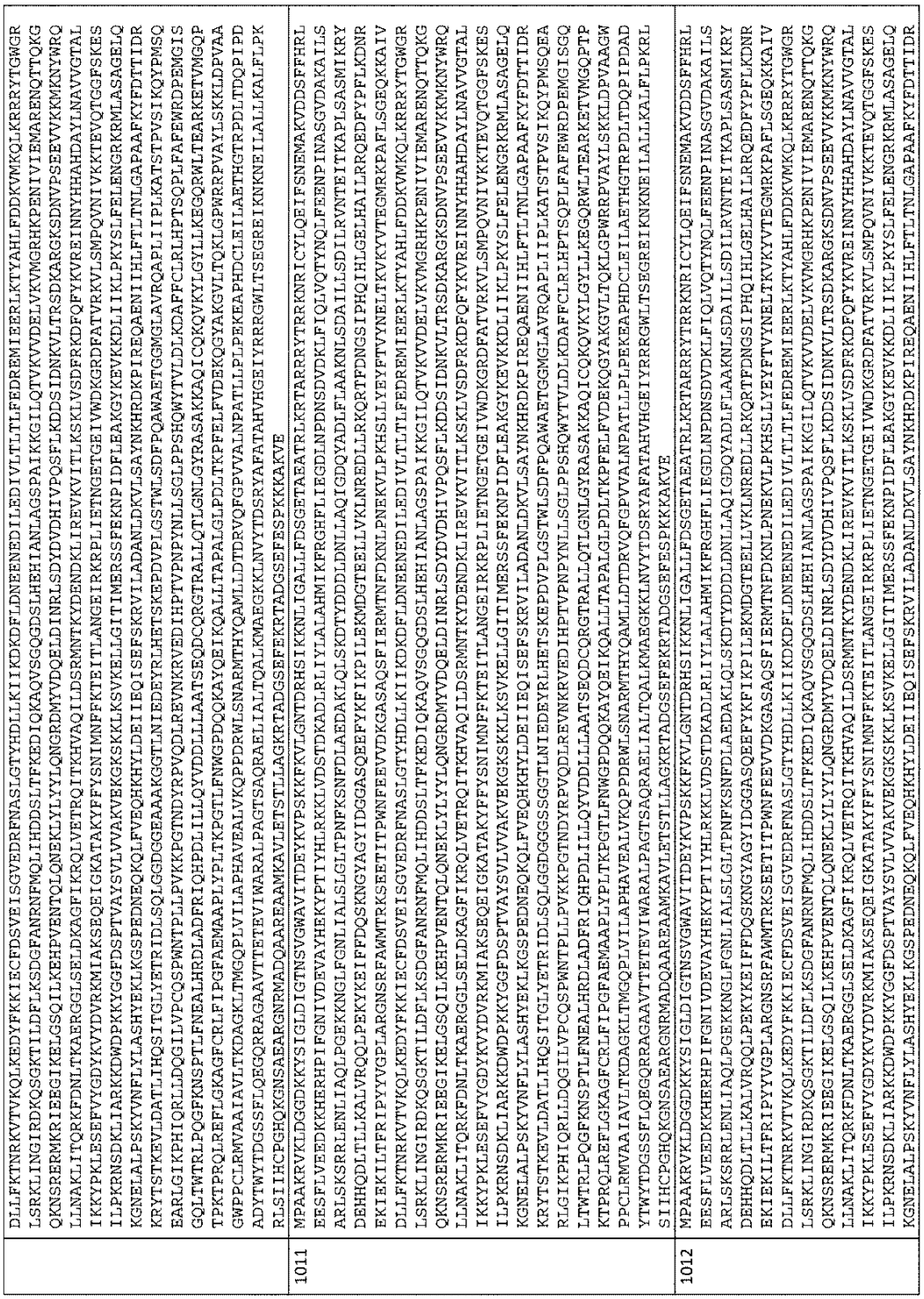
【表Ａ１－７２】



| | |
|---|---|
| | FATAHVHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKNEIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARBAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSBFEKRTADGSBFESPKKKA KVE |
| 1007 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIILALLK ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARBAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE 1008 MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKN KNEIILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARBAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE 1009 MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６１５】

【表Ａ１－７３】



【０６１６】

【表Ａ１－７４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTIGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1015 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1016 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIP |
| | DADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６１７】

【表Ａ１－７５】

| | |
|---|---|
| 1017 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIP<br>DADYTWTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1018 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKIGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1019 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

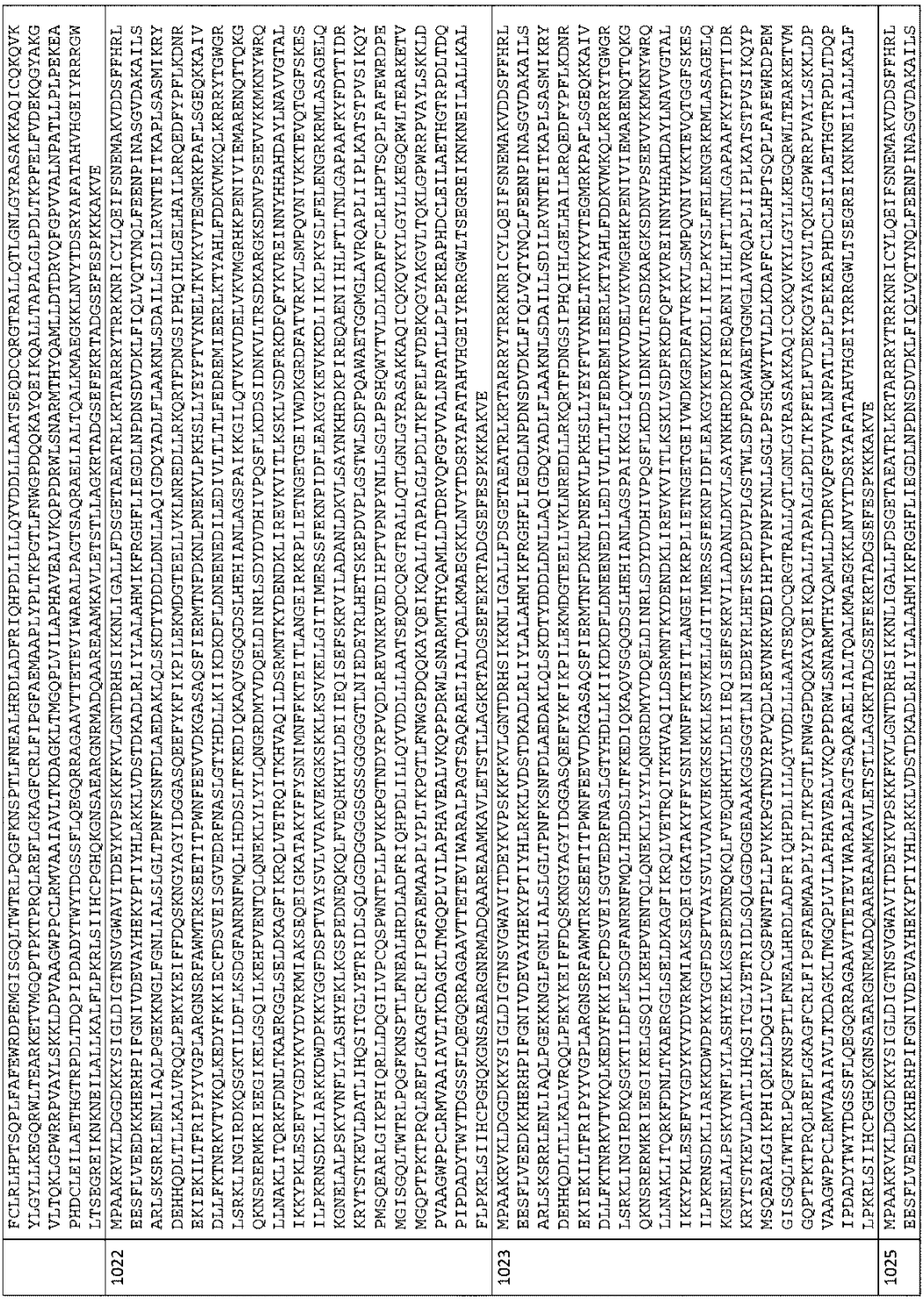
【０６１８】

【表Ａ１－７６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDL |
| | TDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1020 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPD |
| | LTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1021 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |

【０６１９】

【表Ａ１－７７】



| | |
|---|---|
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA |
| | PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGW |
| | LTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1022 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALF |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1023 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1025 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６２０】

【表Ａ１－７８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCL |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1029 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCL |
| | EILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEG |
| | REIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1033 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

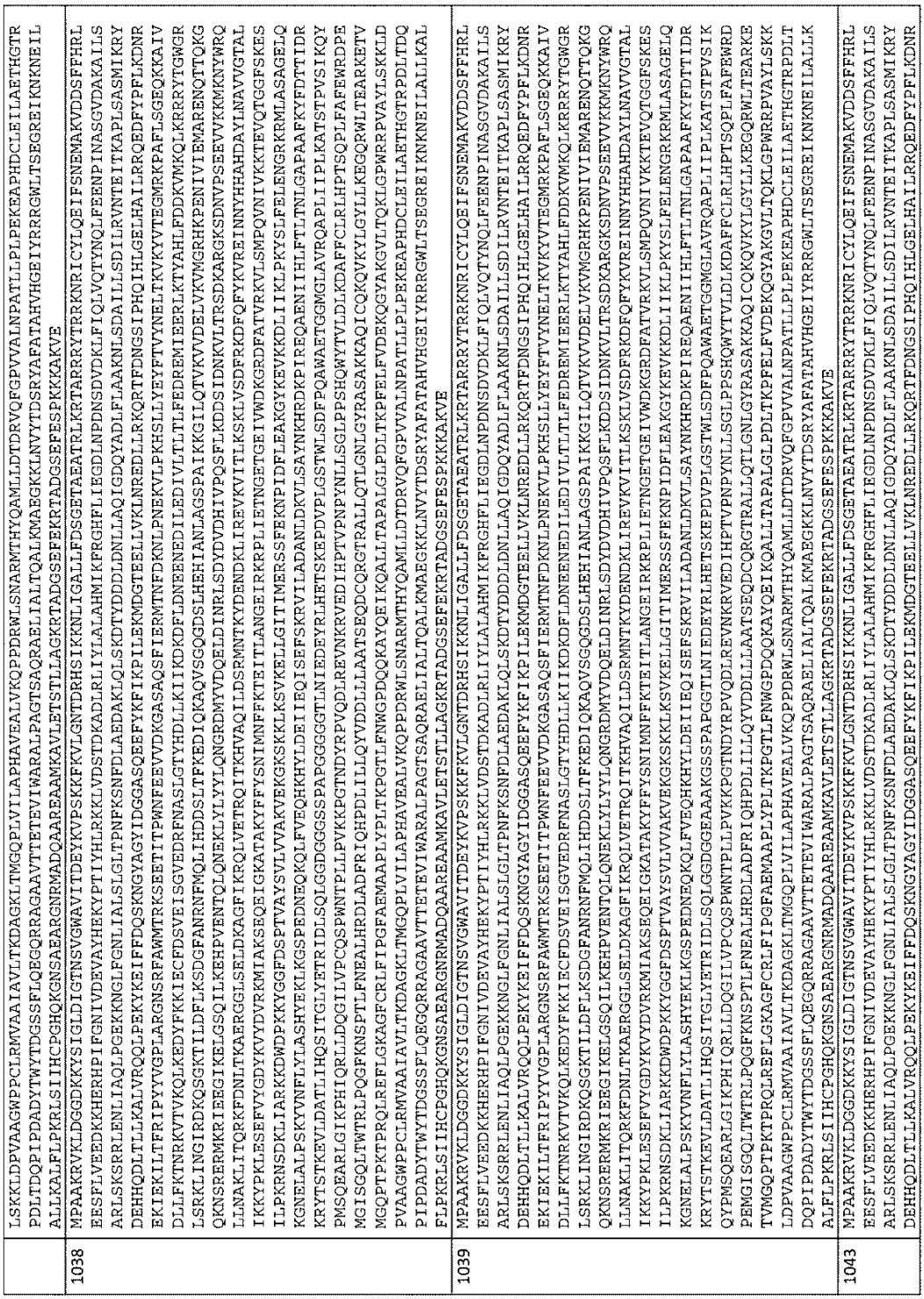
【０６２１】

【表Ａ１－７９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1034 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1037 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKGGGGSEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |

【０６２２】

【表Ａ１－８０】



| | |
|---|---|
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTR<br>PDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIL<br>ALLKALPLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1038 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ<br>PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1039 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 1043 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

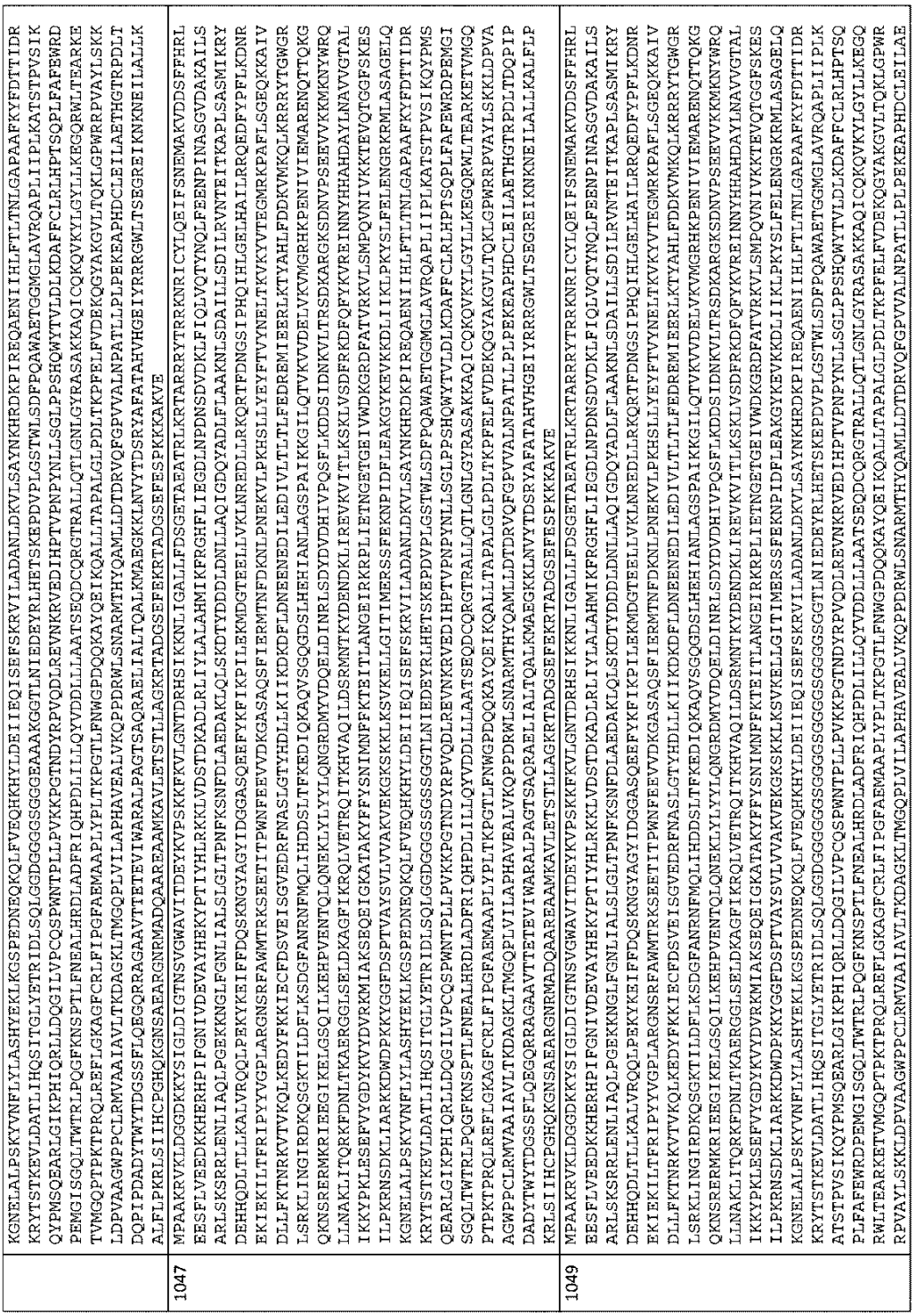
【０６２３】

【表Ａ１－８１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1044 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALP |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1046 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６２４】

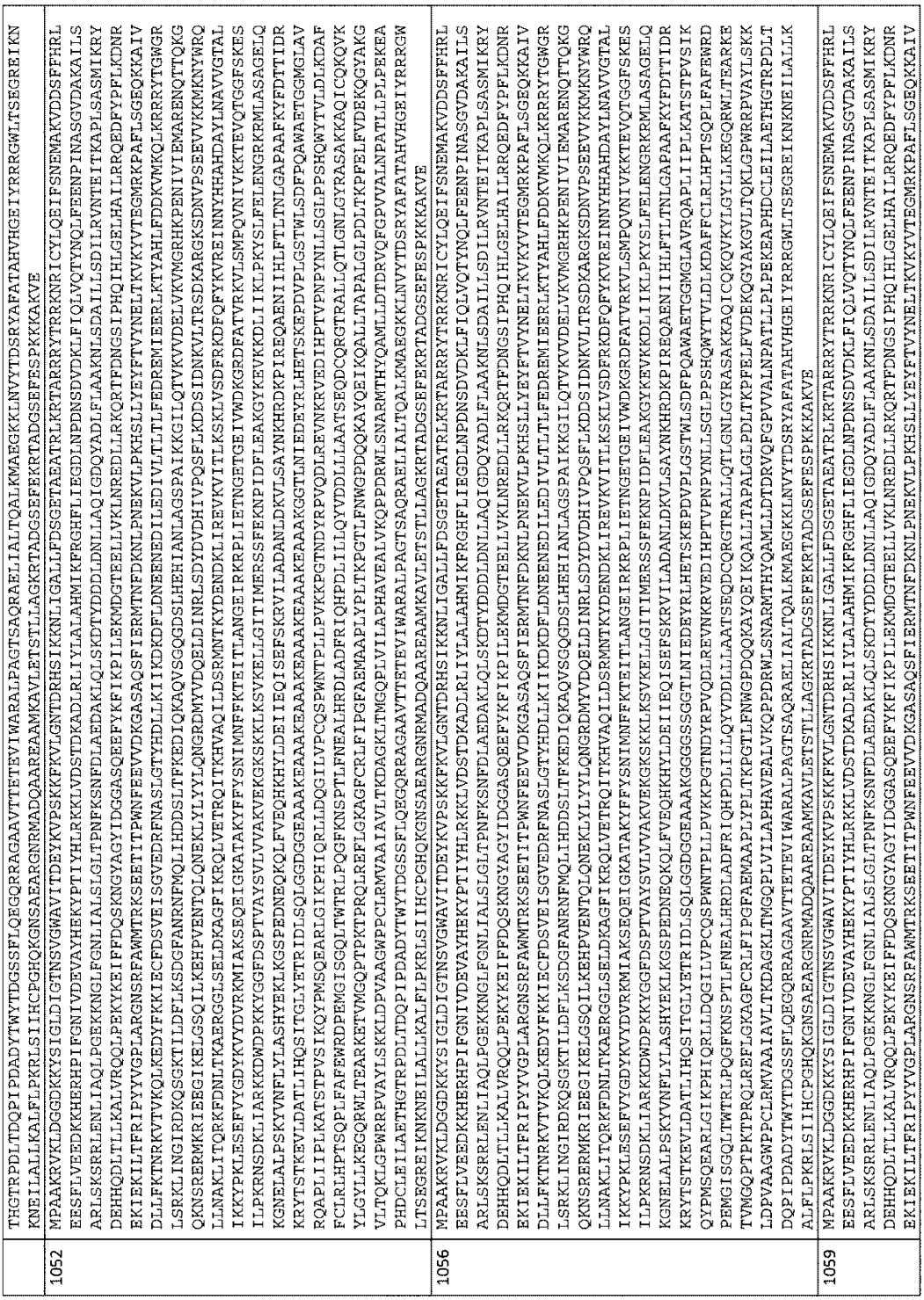
【表Ａ１－８２】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1047 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIP |
| | DADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1049 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAE |

【０６２５】

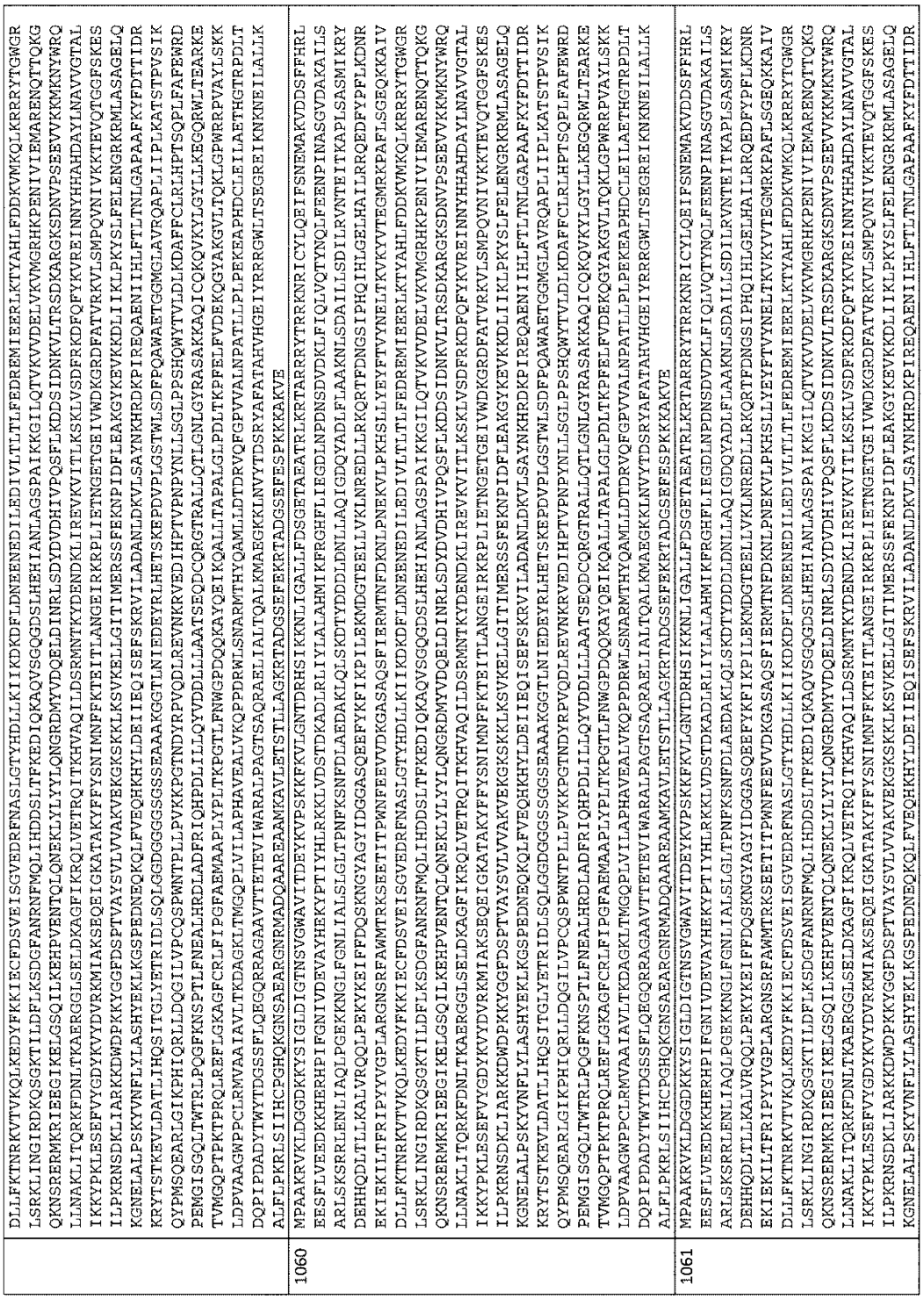
【表Ａ１－８３】



| | |
|---|---|
| | THGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKN |
| | KNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1052 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | PHDCLEIIAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGW |
| | LTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1056 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1059 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６２６】

【表Ａ１－８４】



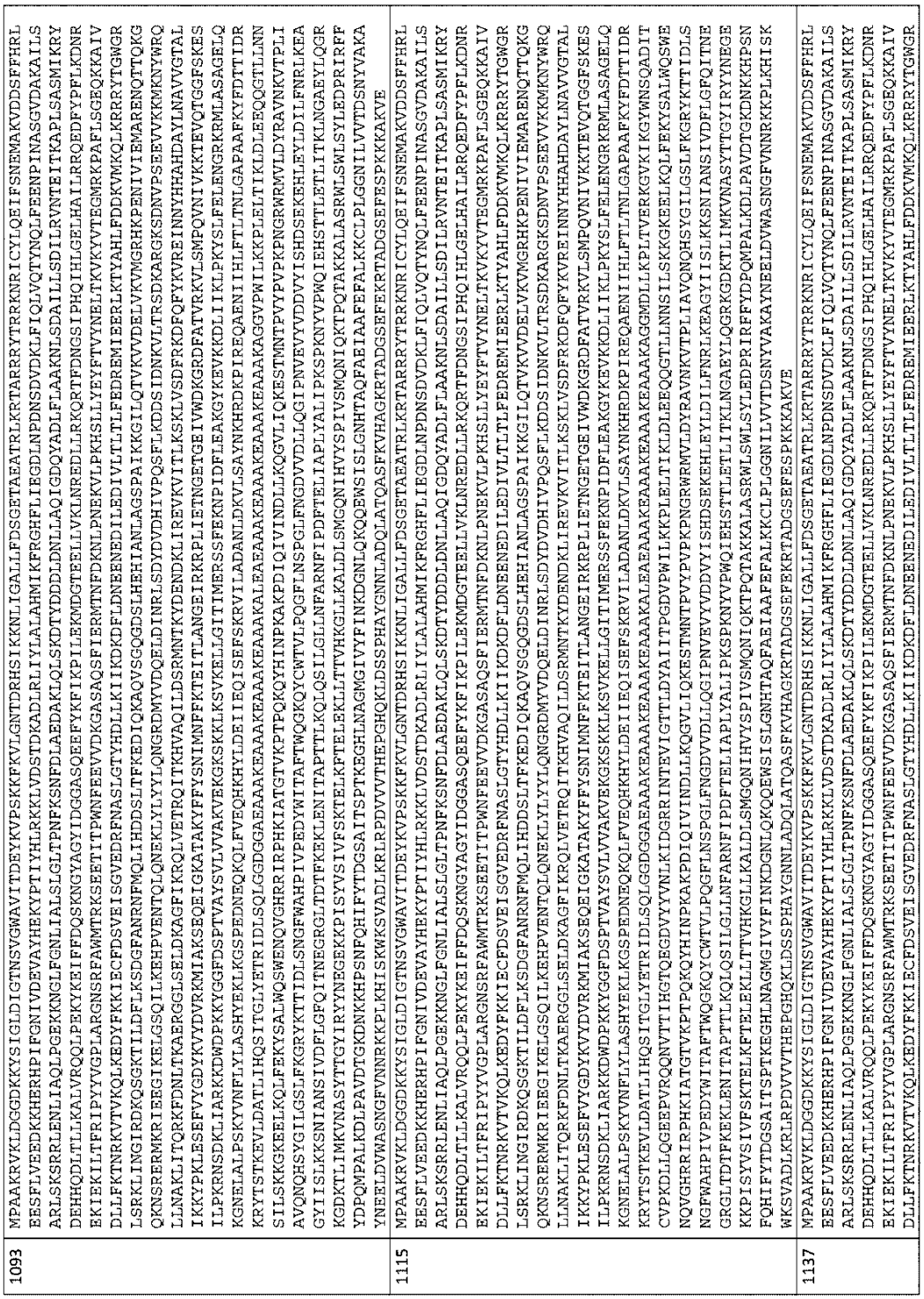
【０６２７】

【表Ａ１－８５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1076 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1083 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６２８】

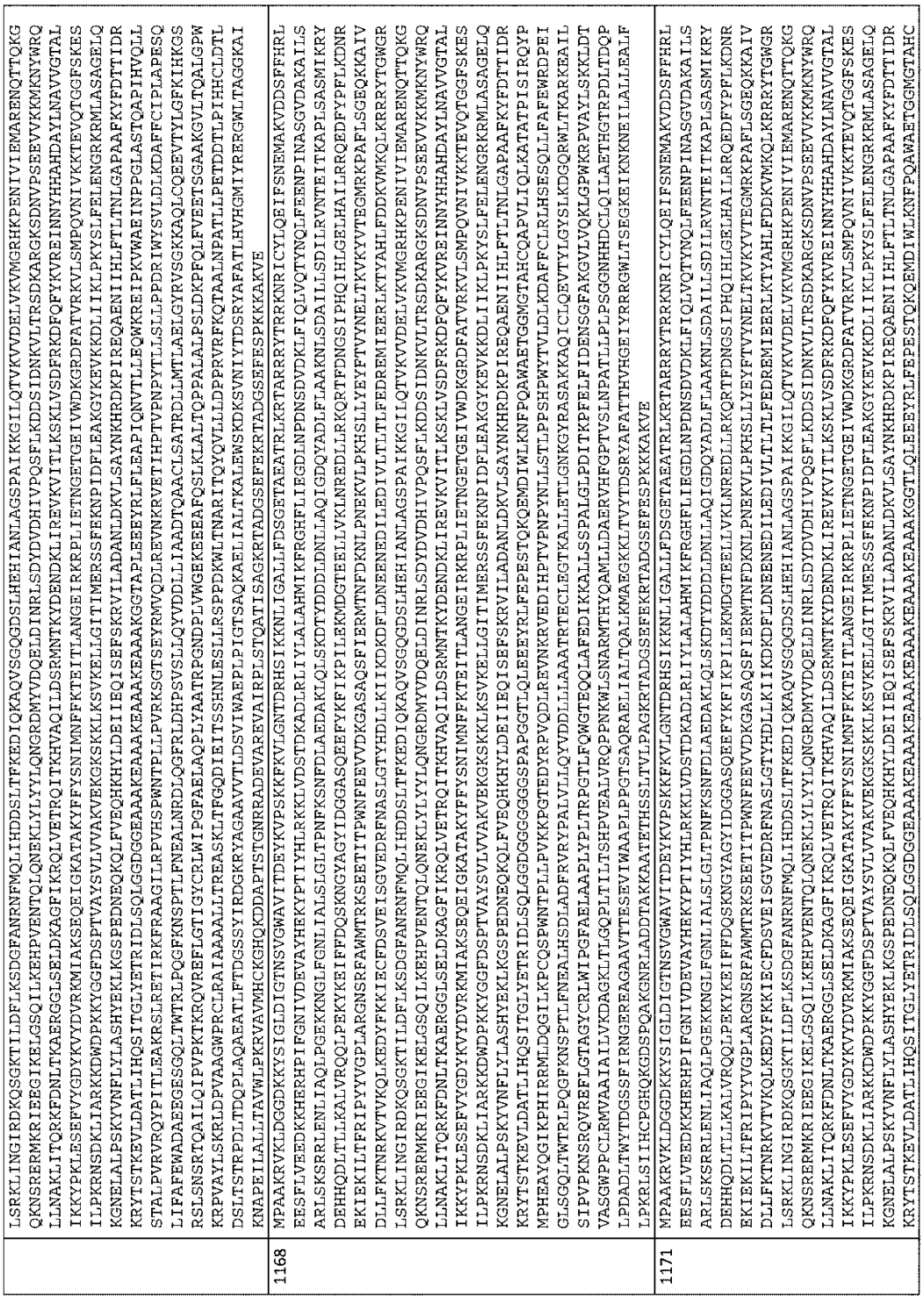
【表Ａ１－８６】



| | |
|---|---|
| 1093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGVPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNN<br>SILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLI<br>AVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEEA<br>GYISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVFWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGR<br>KGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGEKKPISYVSSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFF<br>YDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYPTINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQPAEIAAFEPALKKCLPLGGNILVVTDSNYYAKA<br>YNEELDVWASNGFVNNRKKKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVHAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1115 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGMDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADIT<br>CVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELITKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWE<br>NQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLS<br>NGFWAHPIVPEDYWTIAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYTISLKKSNIANSIVDFLGFQITNE<br>GRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGE<br>KKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSN<br>FQHIFYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYPFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQPAEIAAFEPALKKCLPLGGNILVVTDSNYYAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISK<br>WKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVHAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1137 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |

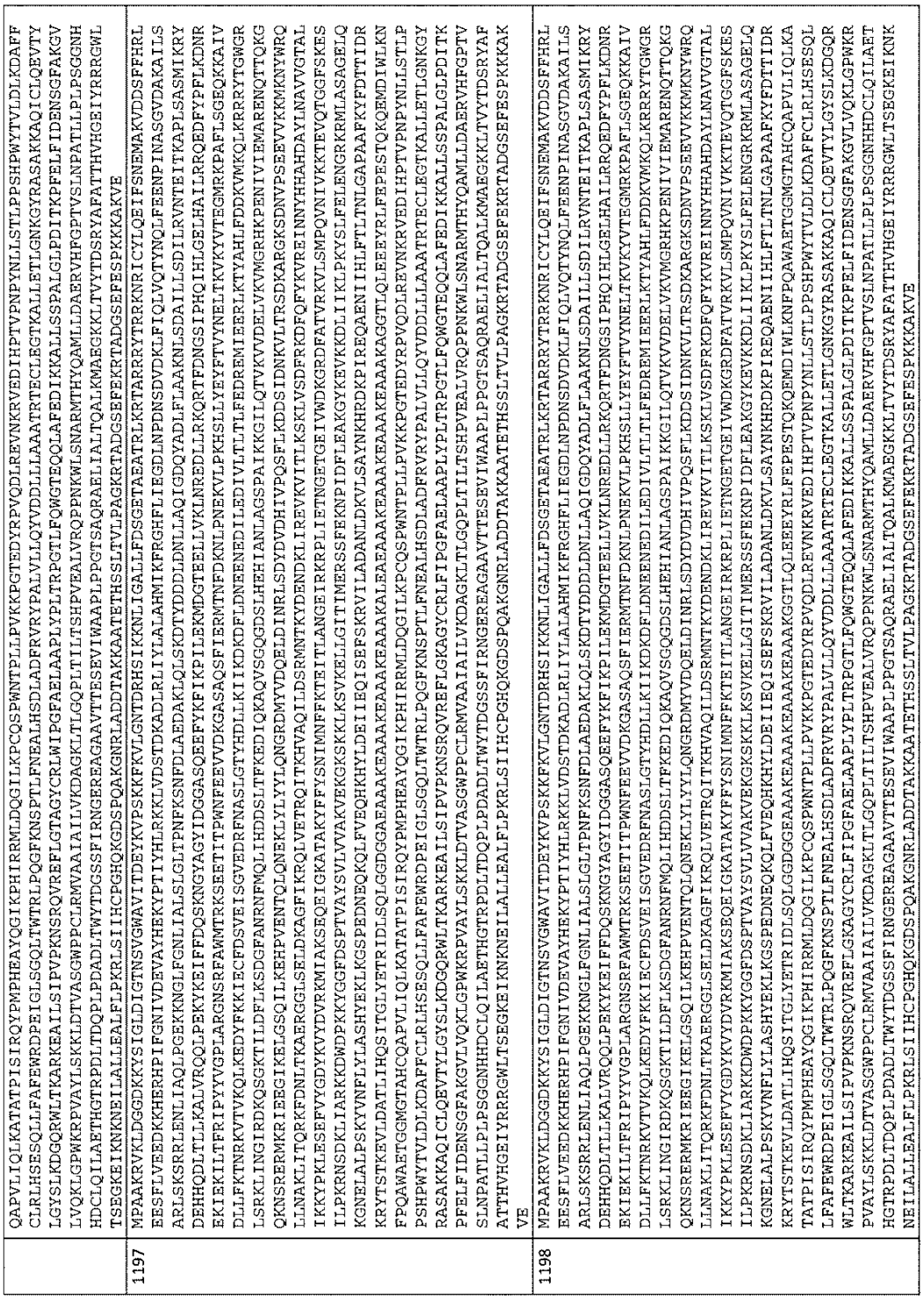
【０６２９】

【表Ａ１－８７】



【０６３０】

【表Ａ１－８８】



【０６３１】

【表Ａ１－８９】

| | |
|---|---|
| 1202 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLI<br>GPWKRPVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATILPLPSGGNHHDCLQ<br>ILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGERAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGK<br>EIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1203 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPI<br>SIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFE<br>WRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKA<br>RKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYL<br>SKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRP<br>DLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGERAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILA<br>LLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1210 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

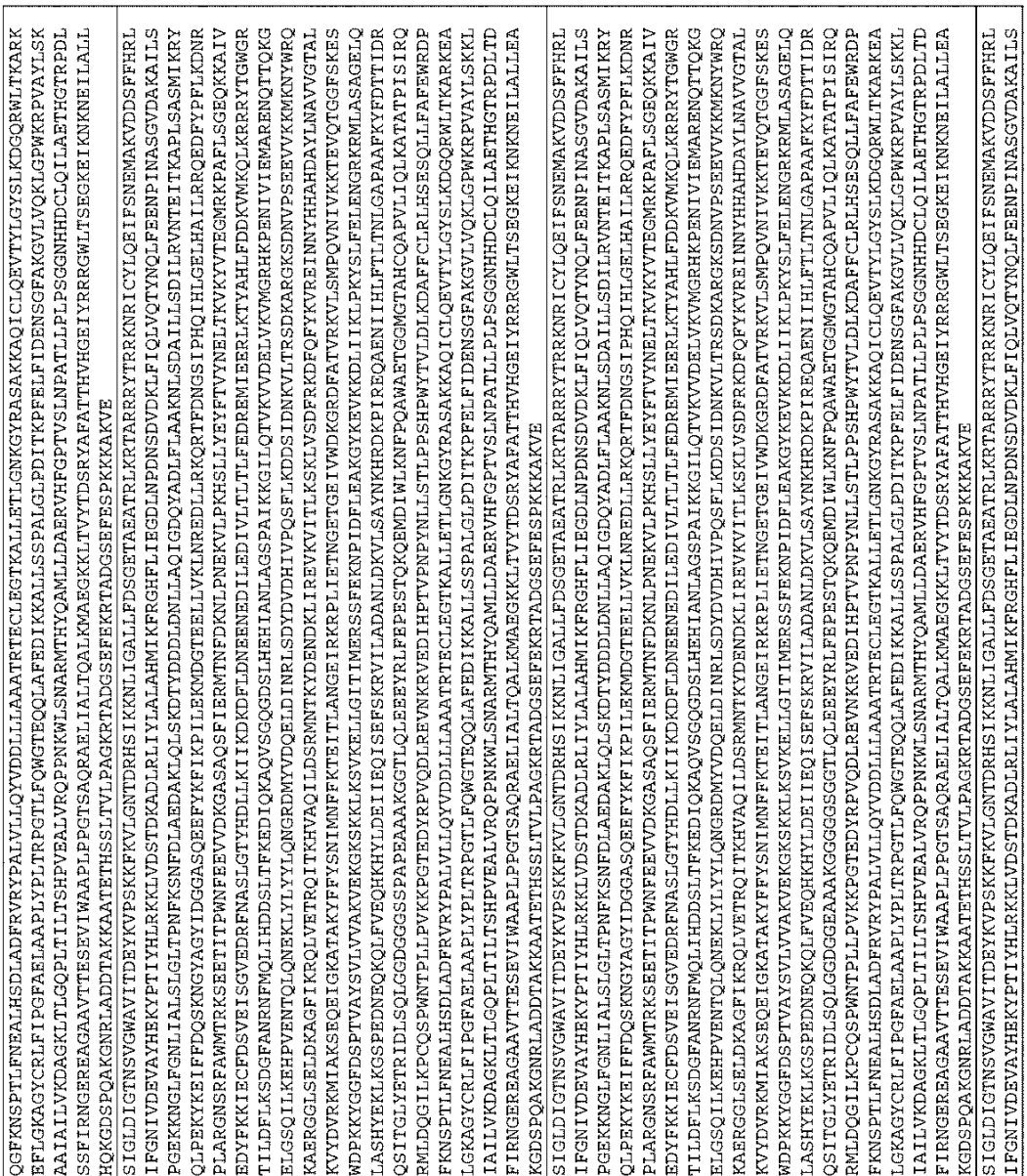
【０６３２】

【表Ａ１－９０】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKGSSGGGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTDQ |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGERKAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1216 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | MPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEI |
| | GLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAIL |
| | SIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKLDT |
| | VASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTDQP |
| | LPDADLTWYTDGSSFIRNGERKAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1219 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYP |
| | RQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWR |

【０６３３】

【表Ａ１－９１】



| | |
|---|---|
| | DPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARK |
| | EAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLVPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSK |
| | KLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDL |
| | TDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALL |
| | EALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1225 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYSYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1235 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1242 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

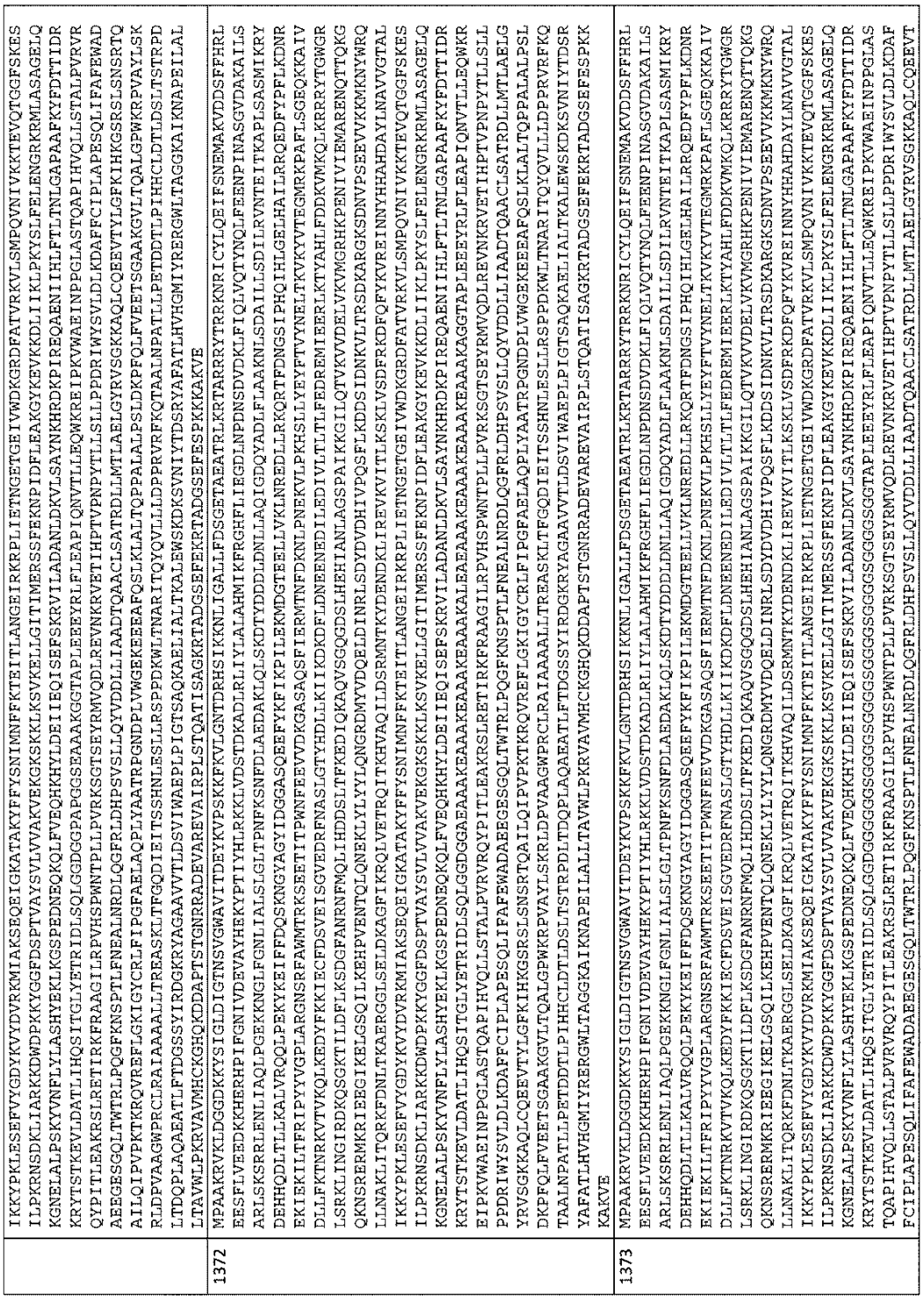
【０６３４】

【表Ａ１－９２】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1262 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1371 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０６３５】

【表Ａ１－９３】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCTIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARSVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1372 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRFKQ |
| | EIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLL |
| | PPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELG |
| | YRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSL |
| | DKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQ |
| | TAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSR |
| | YAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARSVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKK |
| | KAKVE |
| 1373 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLAS |
| | TQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAF |
| | FCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVT |

【０６３６】

【表Ａ１－９４】

| | |
|---|---|
| | YLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAK |
| | GVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDT |
| | LPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRER |
| | GWLTAGGKAIKNAPEIIALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1374 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLL |
| | STALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQ |
| | LIFAFEWADAEEGESSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGS |
| | RSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPW |
| | KRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTL |
| | DSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAI |
| | KNAPEIIALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1375 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPIT |
| | LEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGE |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQI |
| | PVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPV |
| | AAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQP |
| | LAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIALLTAVW |
| | LPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1376 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |

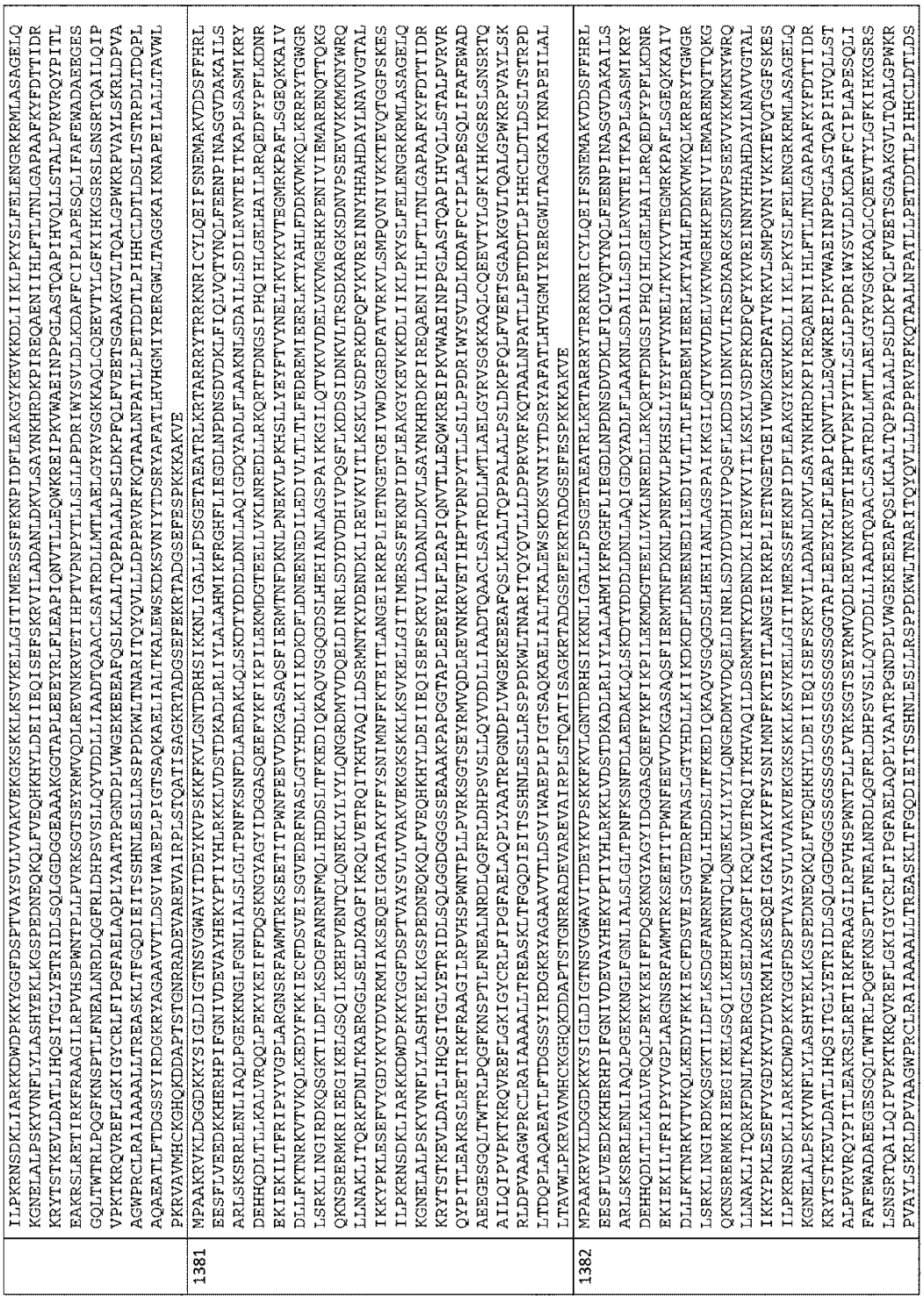
【０６３７】

【表Ａ１－９５】

| | |
|---|---|
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTAL |
| | PVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFA |
| | FEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLS |
| | NSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPV |
| | AYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLT |
| | STRPDLITDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAP |
| | EILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1377 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1380 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |

【０６３８】

【表Ａ１－９６】



| | |
|---|---|
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITL |
| | EAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGES |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIP |
| | VPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLIDVQ |
| | AGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPL |
| | AQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWL |
| | PKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARE VAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1381 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESCQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1382 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSSGSSGSSGSSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLST |
| | ALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLI |
| | FAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRS |
| | LSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKR |
| | PVAYLSKRLIDVPAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDS |

【０６３９】

【表Ａ１－９７】

| | |
|---|---|
| | LTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKN<br>APEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1383 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVQY<br>PITLEAKRSLRETIRKFRAAGIIRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLRVVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE<br>EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI<br>LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL<br>DPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD<br>DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT<br>AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1384 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR<br>QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGIIRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD<br>AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ<br>AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK<br>RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD<br>LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL<br>LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1385 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６４０】

【表Ａ１－９８】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQVY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI |
| | LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL |
| | DPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1389 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | KRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQ |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVP |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAG |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | WPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQ |
| | AEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPK |
| | RVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARFVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1390 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６４１】

【表Ａ１－９９】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKPSPKKKAKVE |
| 1394 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALT |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKPSPKKKAKVE |
| 1397 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWABINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPIT |
| | LEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGE |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQI |
| | PVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPV |
| | AAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQP |
| | LAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALTAVW |
| | LPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKPSPKKKAKVE |

【０６４２】

【表Ａ１－１００】

| | |
|---|---|
| 1399 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPI<br>VRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLA<br>EWADAEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEVTYLGFK<br>SRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQ<br>YLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETTDDTLPIHH<br>TRPDLTQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPE<br>ILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARAEVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1400 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPI<br>HVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPL<br>APESQLIFAFEWADAEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFK<br>IHKGSRSLSNSRTQAIIQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQ<br>ALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETTDDTLPIHH<br>CLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTA<br>GGKAIKNAPEIILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARAEVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1401 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

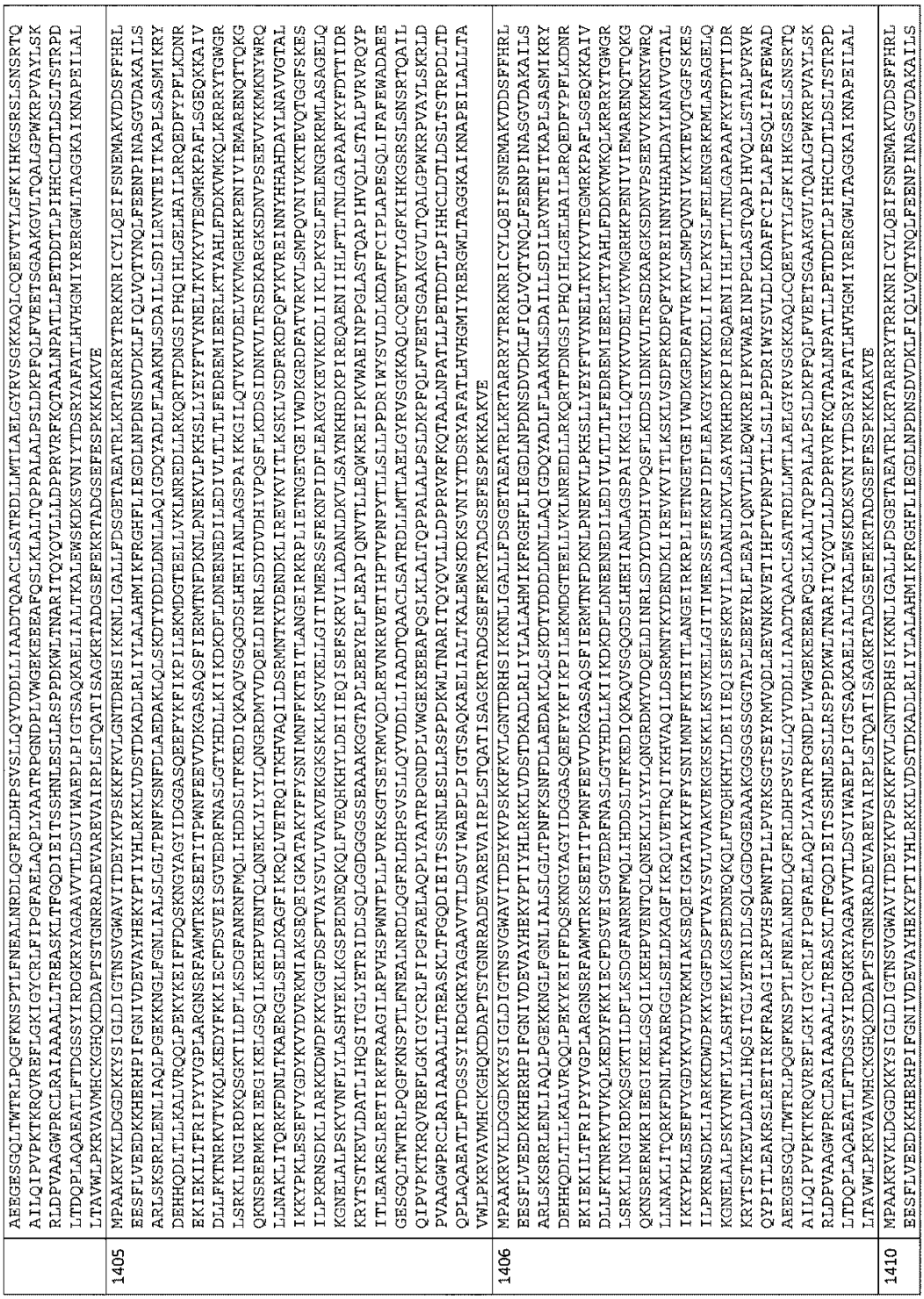
【０６４３】

【表Ａ１－１０１】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGSSGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI |
| | LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL |
| | DPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARVEVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1402 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI |
| | LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL |
| | DPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARVEVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1404 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |

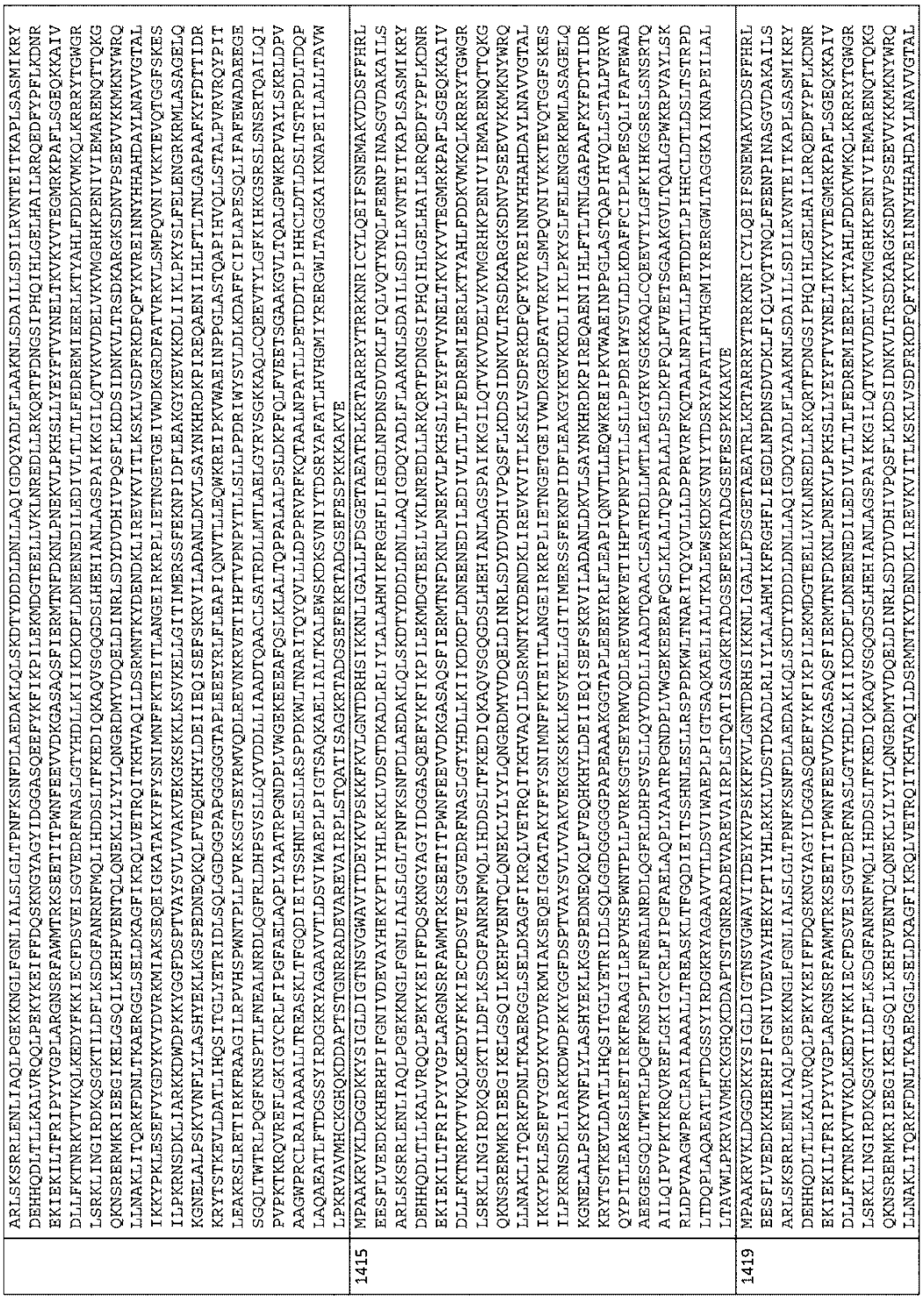
【０６４４】

【表Ａ１－１０２】



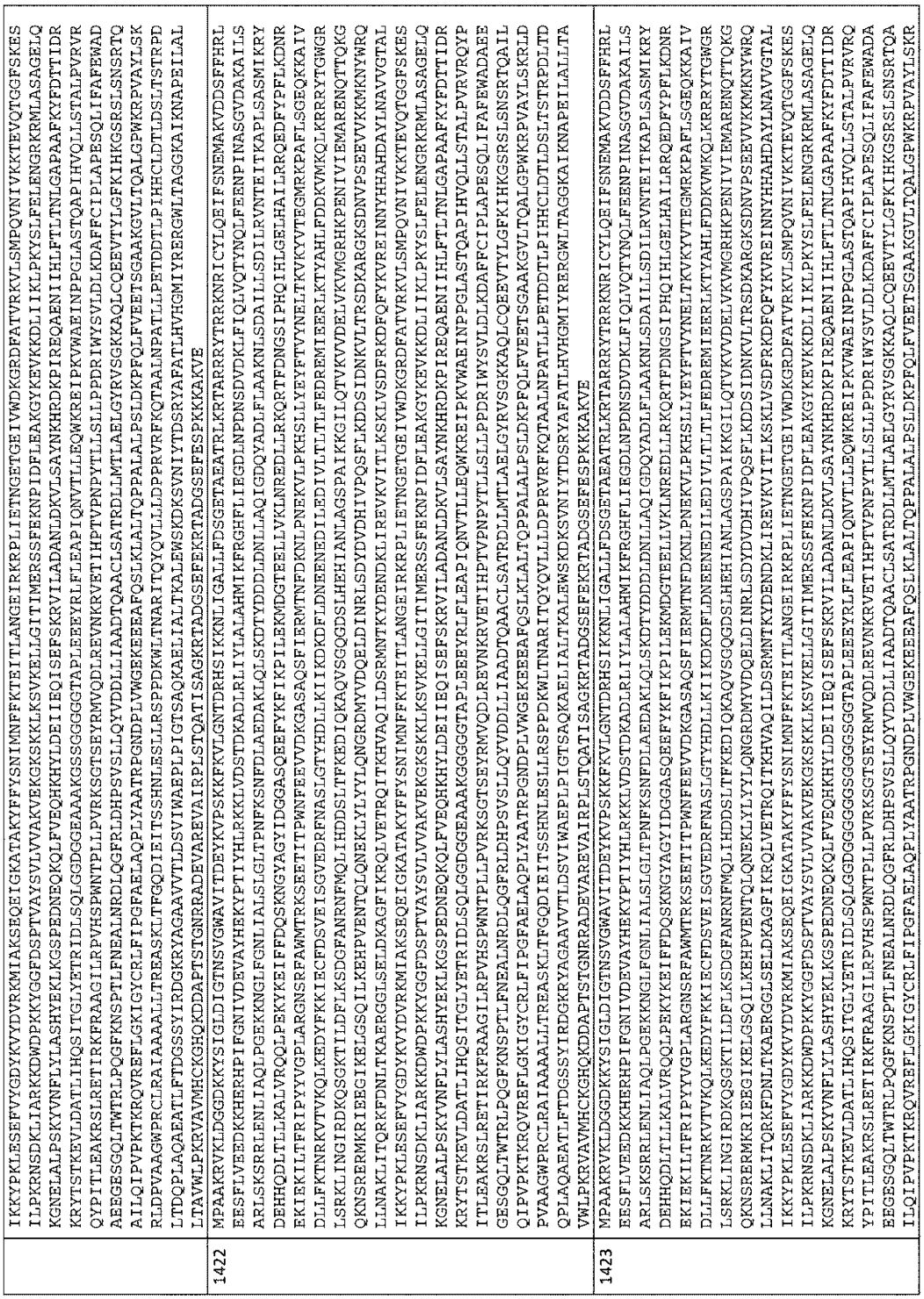
【０６４５】

【表Ａ１－１０３】



【０６４６】

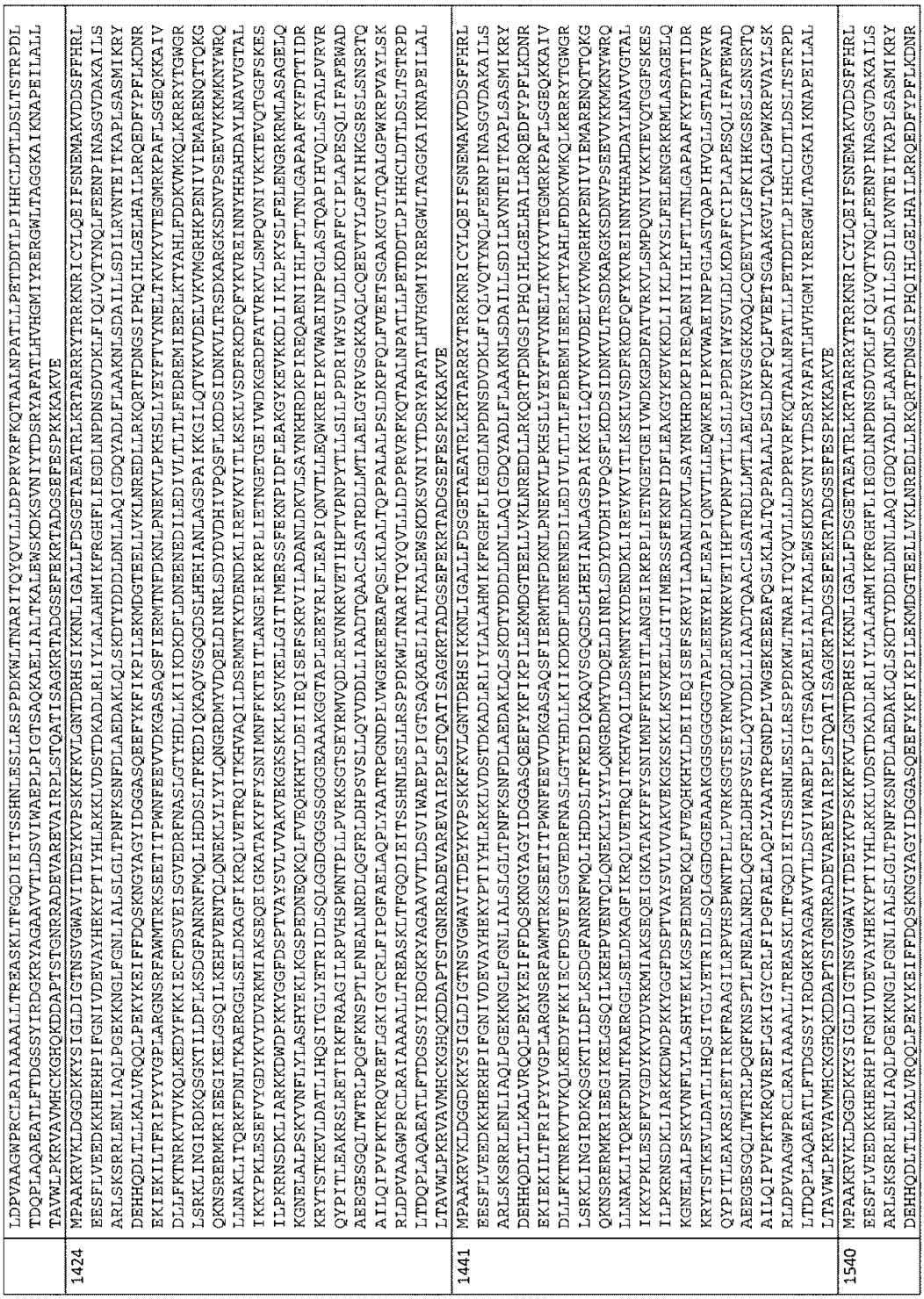
【表Ａ１－１０４】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1422 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKMLASAGELQ |
| | QIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLD |
| | PVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLJTD |
| | QPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTA |
| | VWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1423 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQ |
| | YPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADA |
| | EEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQA |
| | ILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKR |

【０６４７】

【表Ａ１－１０５】



【０６４８】

【表Ａ１－１０６】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILS |
| | ARIPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLG |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQ |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1543 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIII |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIII |
| | DLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAP |
| | QSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILS |
| | EGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLG |
| | PWKRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQ |
| | VLAETHGTREDLKDQSLPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKE |
| | EIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1550 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

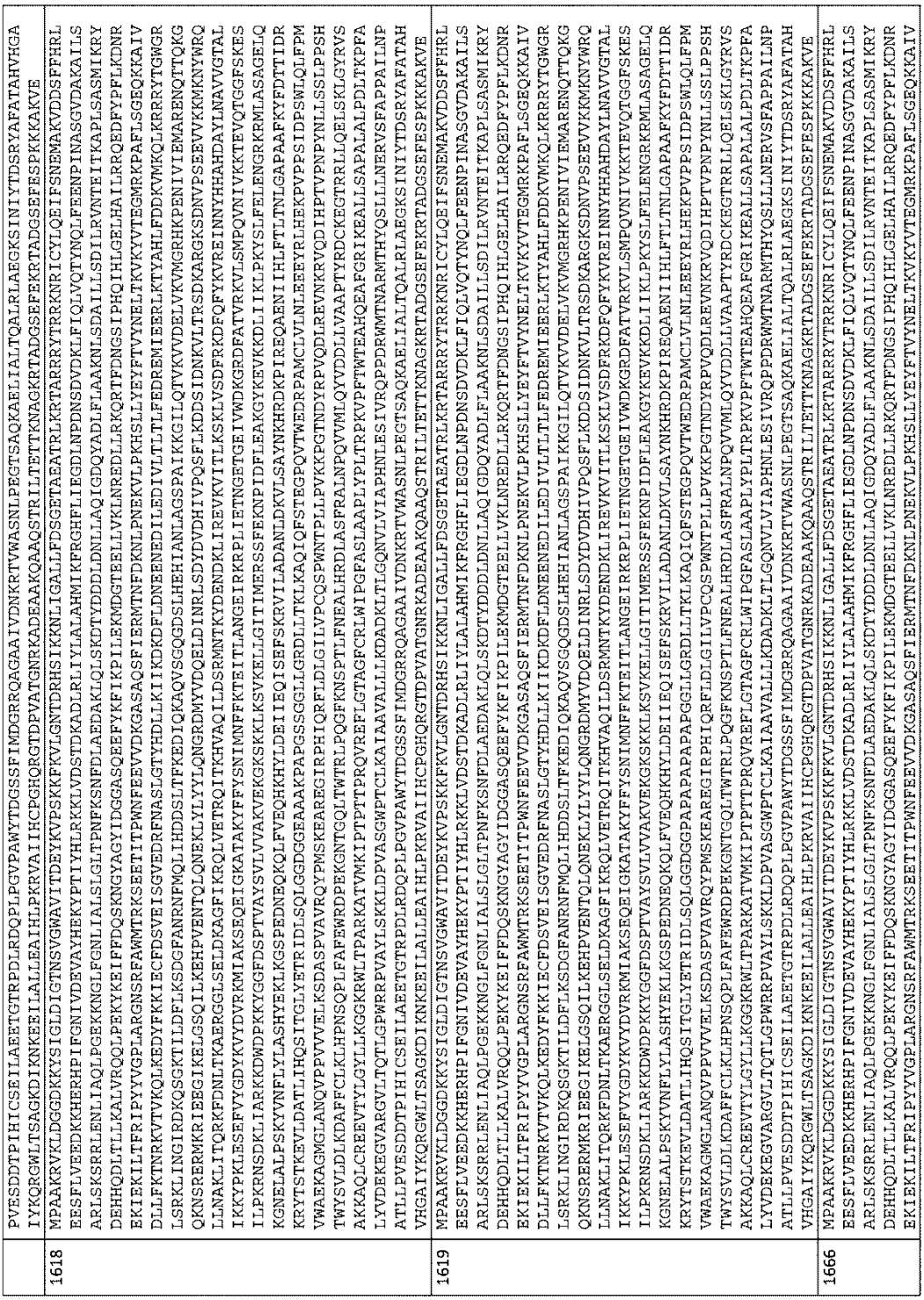
【０６４９】

【表Ａ１－１０７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKQQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1553 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGSSGSSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVS |
| | IKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEW |
| | KDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGR |
| | IETVARIPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRE |
| | DLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIA |
| | LLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1616 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVTLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAE |
| | KAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYS |
| | VLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRLLQELSKLGYRVSAKKA |
| | QLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVD |
| | EKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLL |

【０６５０】

【表Ａ１－１０８】



| | |
|---|---|
| | PVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGA |
| | IYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1618 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1619 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDTHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1666 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

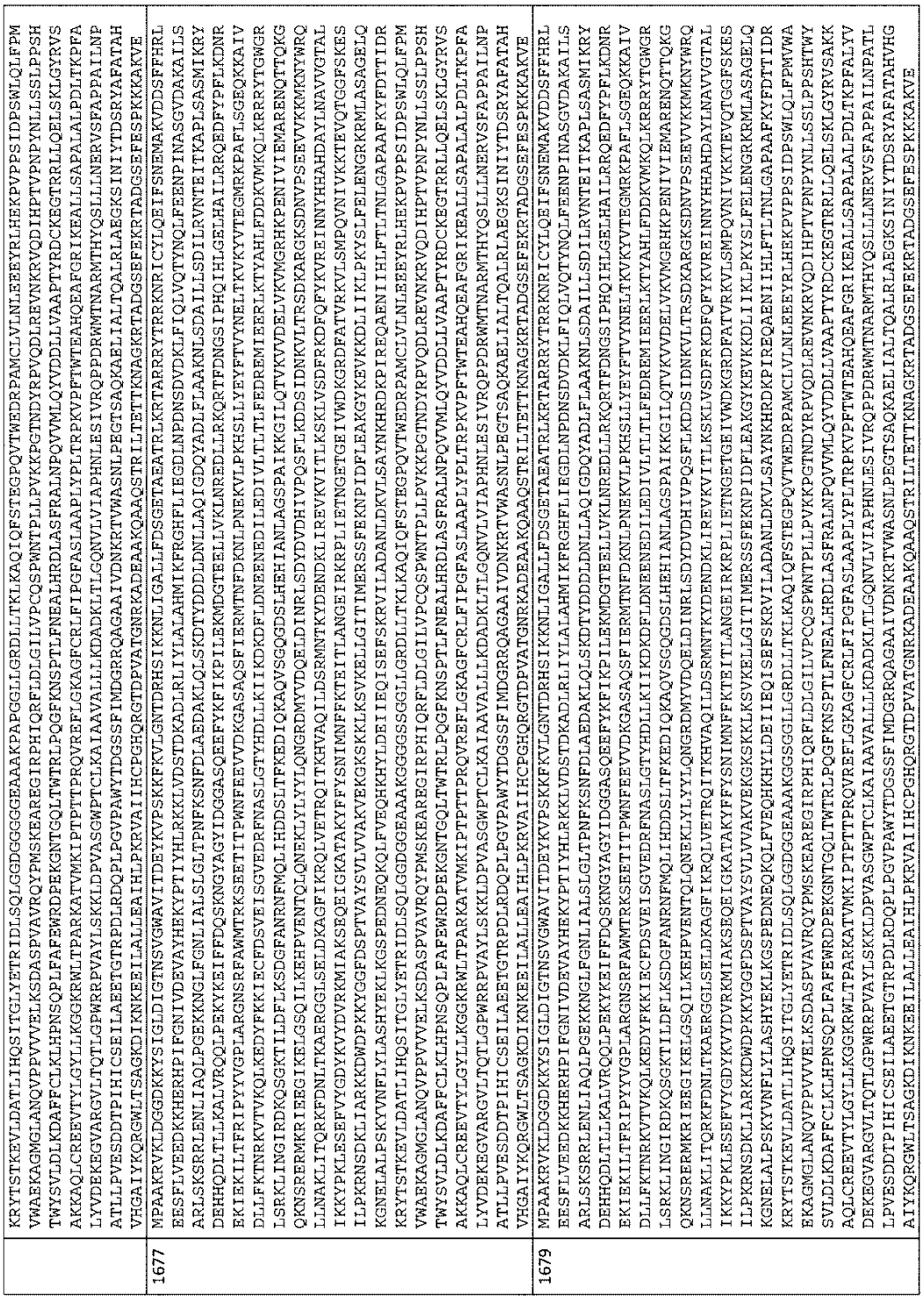
【０６５１】

【表Ａ１－１０９】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1668 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | AGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSV |
| | LDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQ |
| | LCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDE |
| | KEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLP |
| | VESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI |
| | YKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1672 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６５２】

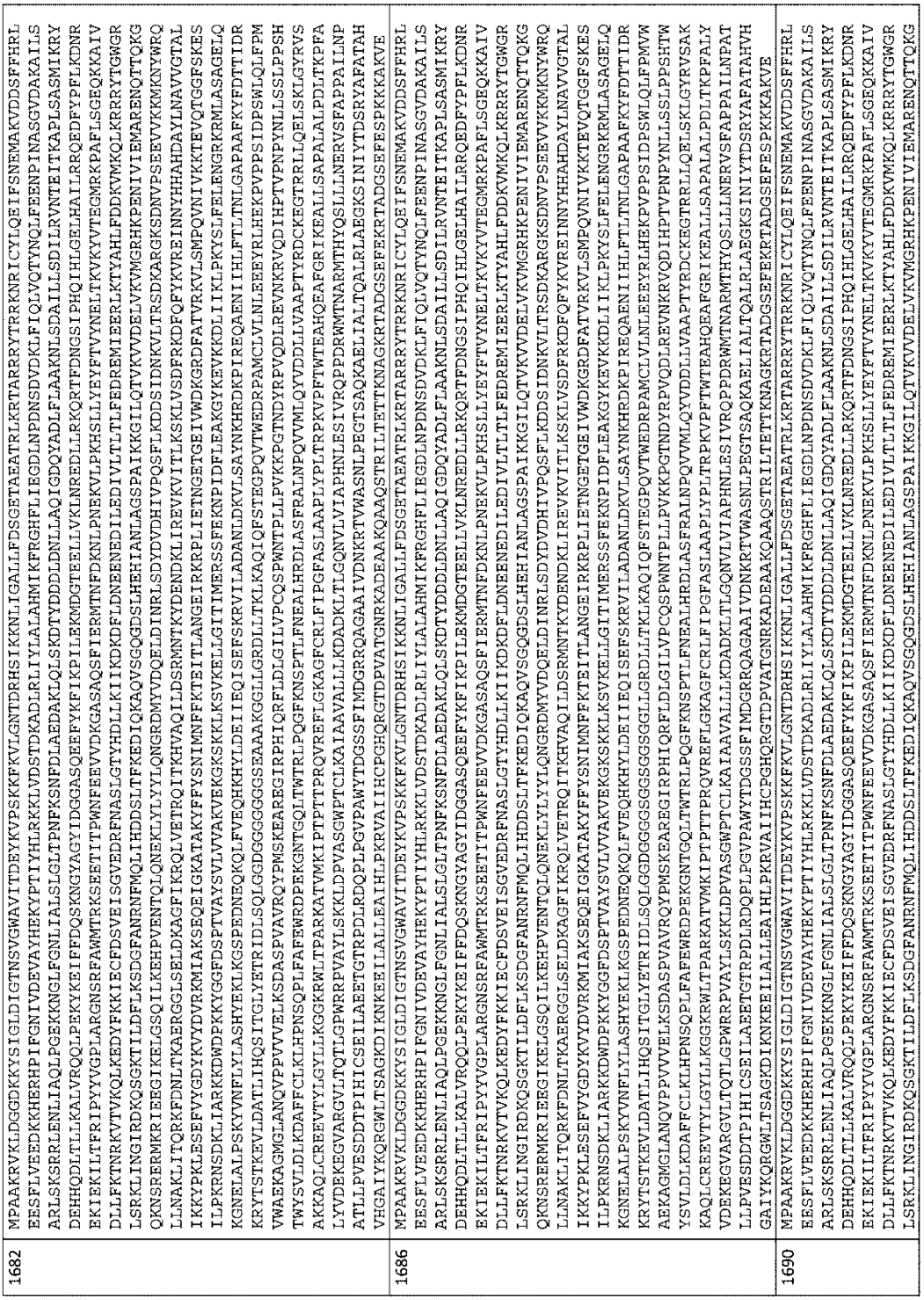
【表Ａ１－１１０】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1677 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKGGGGSSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1679 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWA |
| | EKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWY |
| | SVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKK |
| | AQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALVV |
| | DEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATL |
| | LPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHG |
| | AIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６５３】

【表Ａ１－１１１】



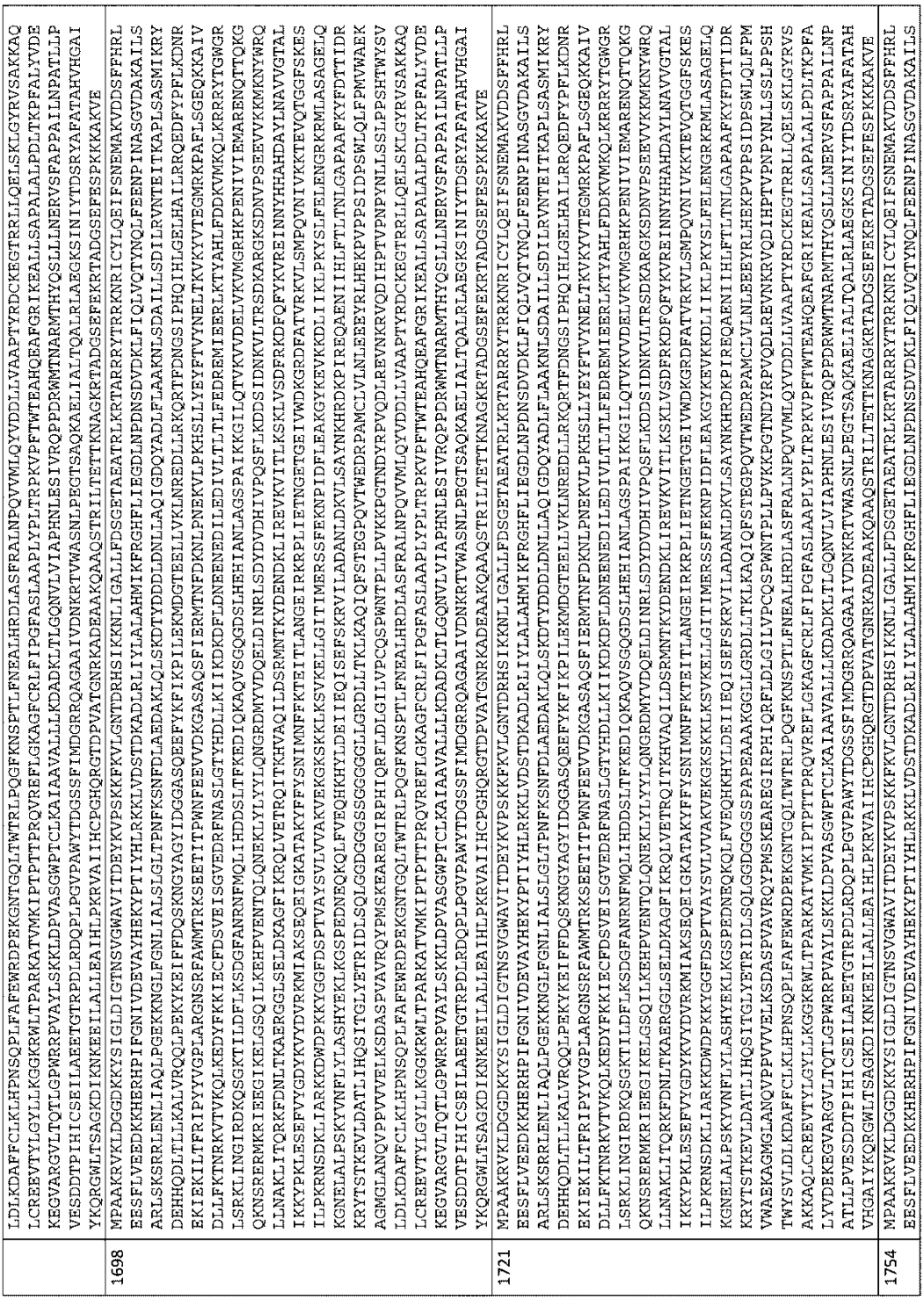
| | |
|---|---|
| 1682 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVN<br>VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH<br>TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS<br>AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA<br>LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP<br>ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH<br>VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1686 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGSGGS

【表Ａ１－１１２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAAAKGSSGGSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEIILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1691 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | AEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTW |
| | YSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAK |
| | KAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALV |
| | VDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPAT |
| | LLPVESDDTPIHICSEIILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVH |
| | GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1695 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEK |
| | AGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSV |

【０６５５】

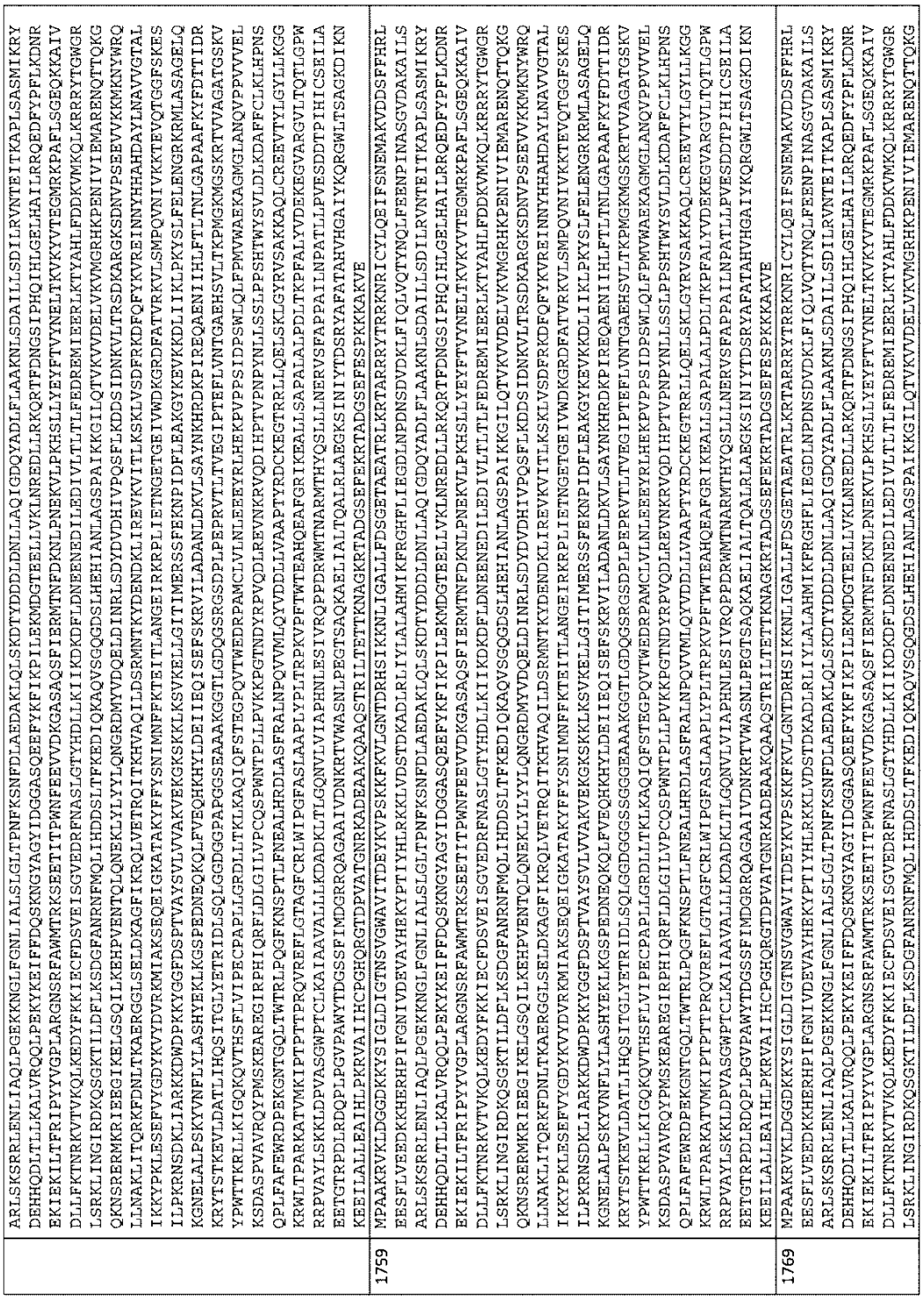
【表Ａ１－１１３】



| | |
|---|---|
| | LDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQ |
| | LCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDE |
| | KEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLP |
| | VESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI |
| | YKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1698 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLP |
| | VESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI |
| | YKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1721 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVSDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1754 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６５６】

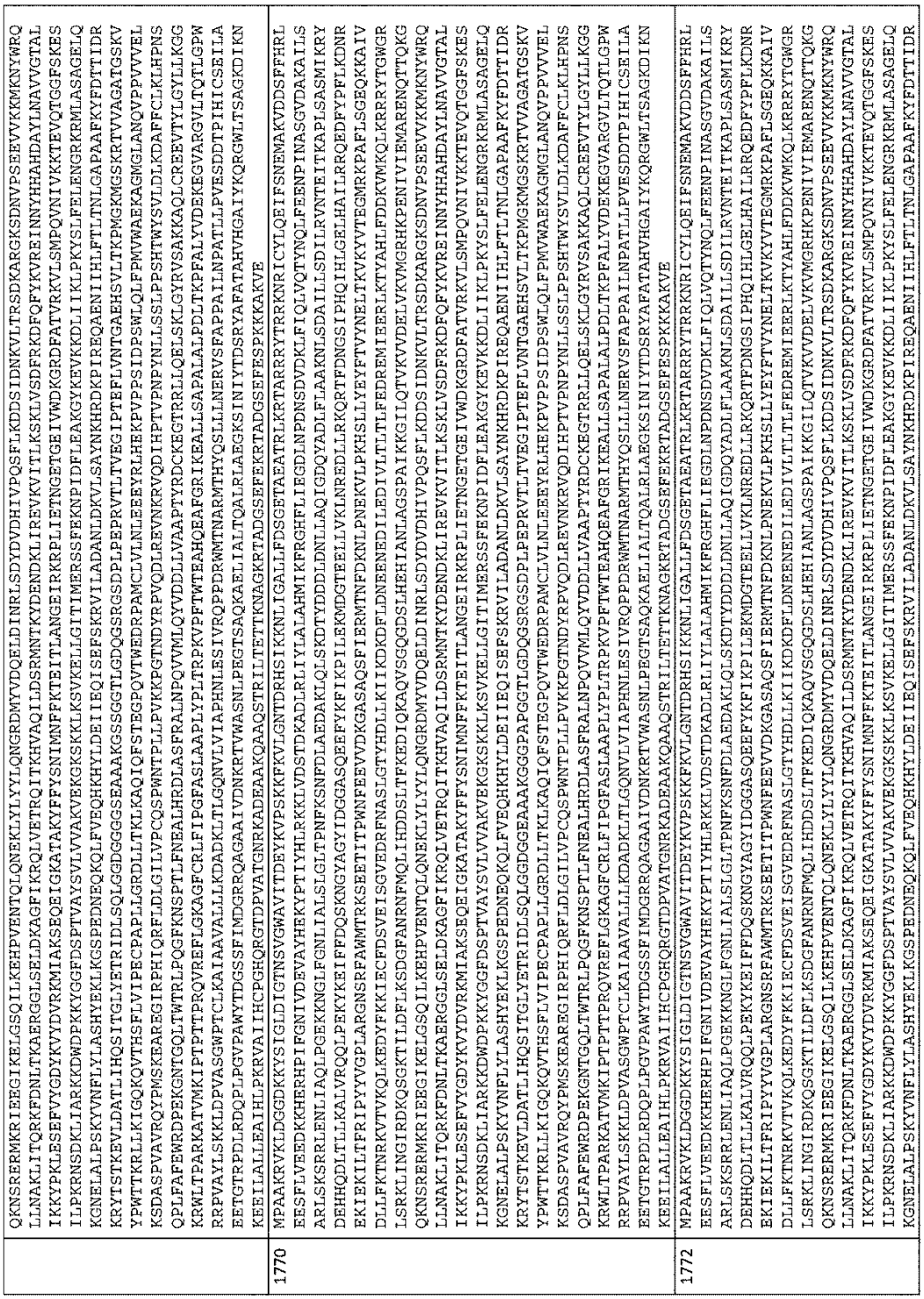
【表Ａ１－１１４】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPWGKMGSKRTVVAGATGSKV |
| | YPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVEL |
| | KSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNS |
| | QPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREVTYLGYLLKGG |
| | KRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILA |
| | EETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKN |
| | KEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1759 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSGGGEAAAKGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGITPEFLVNTGAEHSVLTKPWGKMGSKRTVVAGATGSKV |
| | YPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVEL |
| | KSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNS |
| | QPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREVTYLGYLLKGG |
| | KRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILA |
| | EETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKN |
| | KEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1769 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

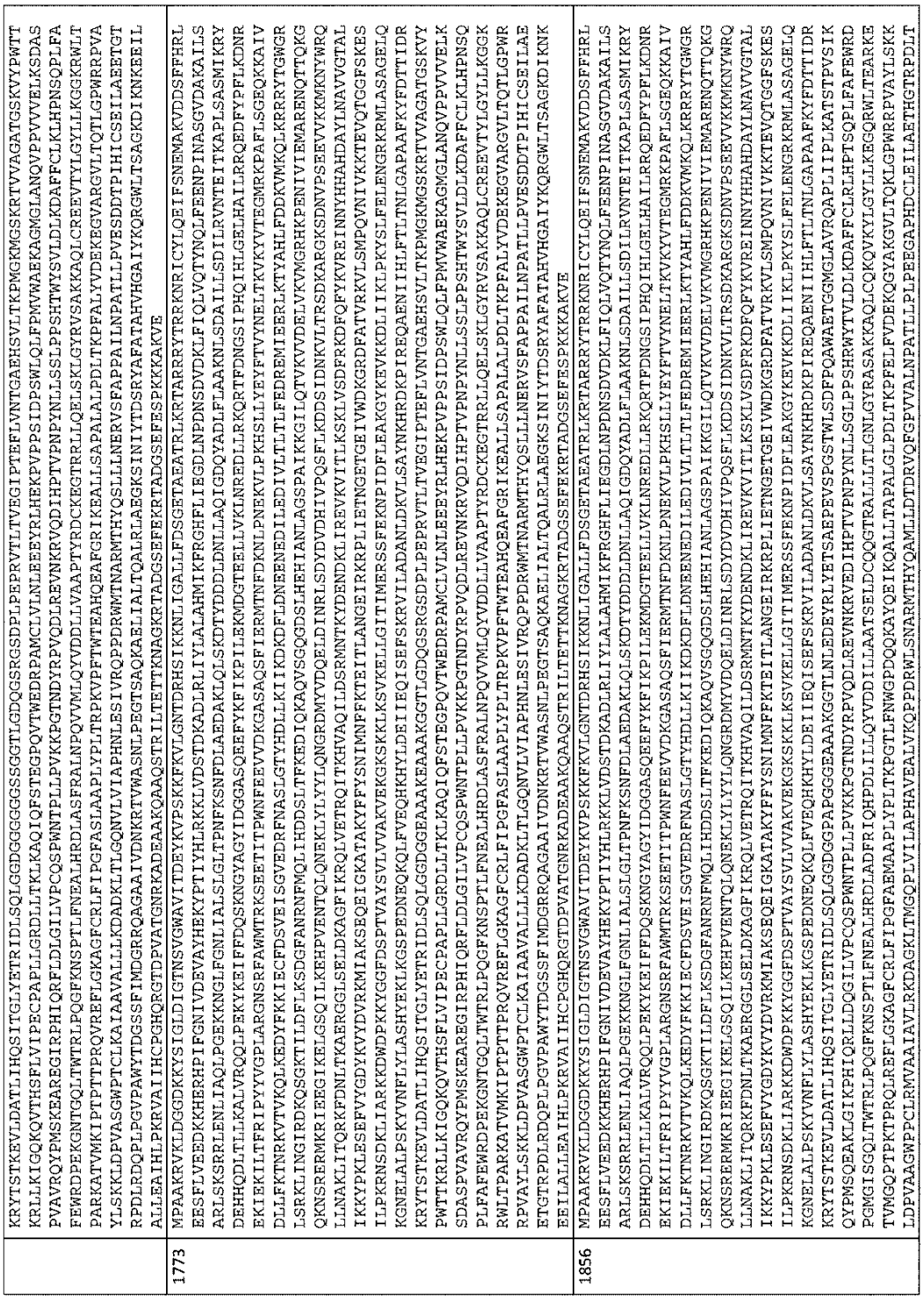
【０６５７】

【表Ａ１－１１５】



【０６５８】

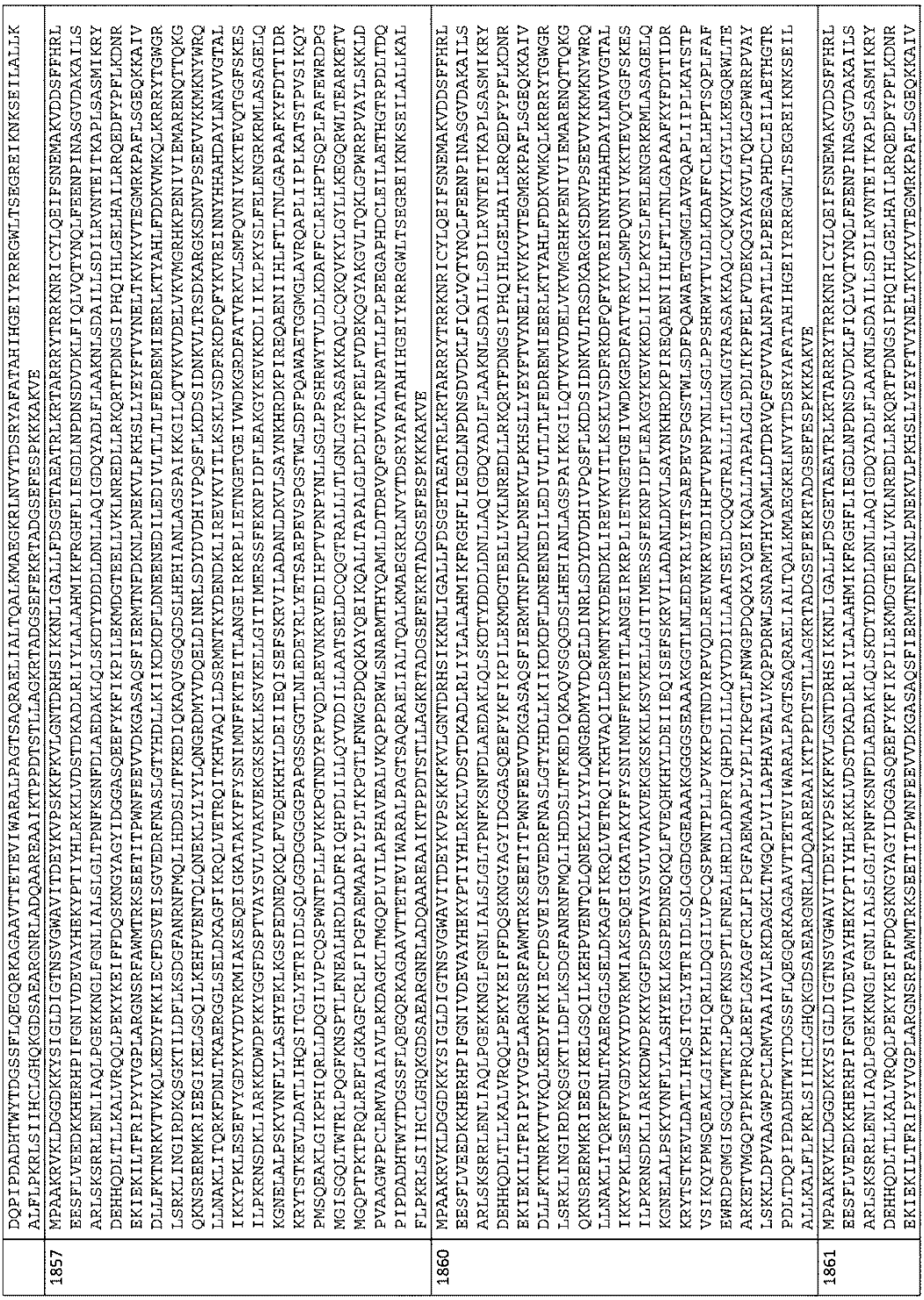
【表Ａ１－１１６】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTT |
| | KRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDAS |
| | PVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFA |
| | FEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREVTYLGYILKGGKRWLT |
| | PARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALVVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSPAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGT |
| | RPDLRDQPLPGVPAWTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIL |
| | ALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1773 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKEAAAKGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVY |
| | PWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELK |
| | SDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQ |
| | PLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGK |
| | RWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAE |
| | ETGTRPDLRDQPLPGVPAWTTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNK |
| | EEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1856 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |

【０６５９】

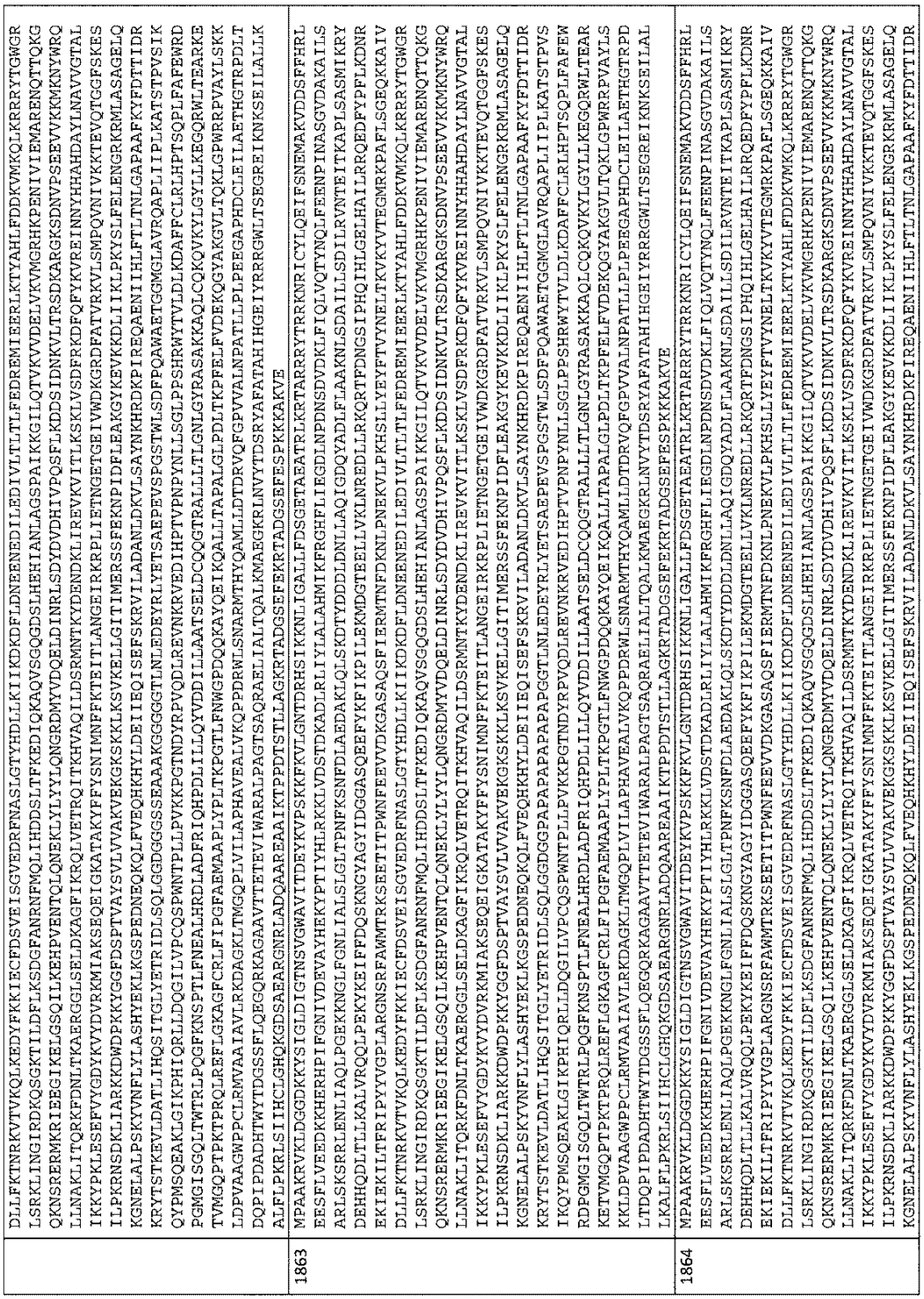
【表Ａ１－１１７】



| | |
|---|---|
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKWAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1857 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGSSGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1860 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTR |
| | PDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1861 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

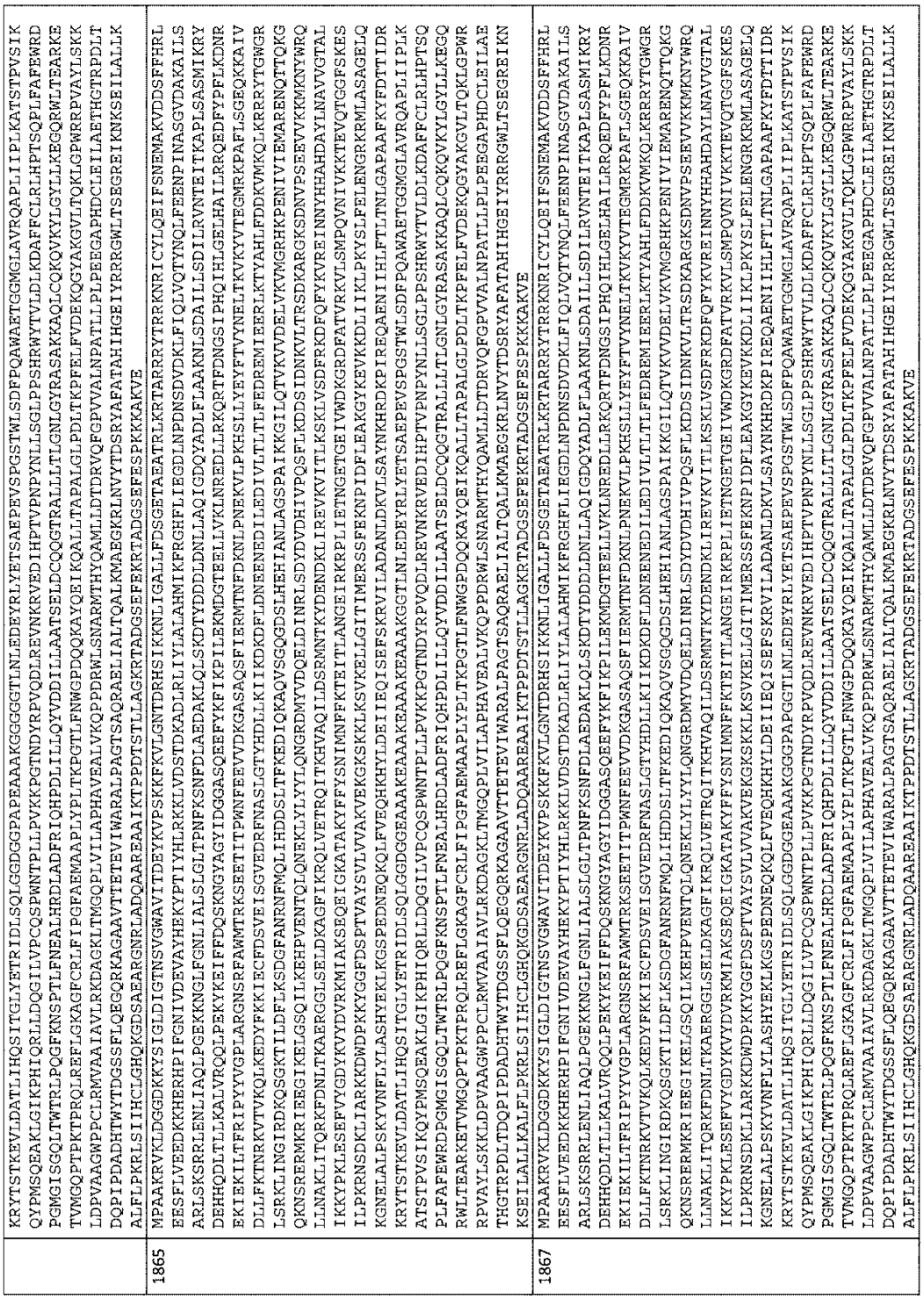
【０６６０】

【表Ａ１－１１８】



【０６６１】

【表Ａ１－１１９】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1865 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAE |
| | THGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKN |
| | KSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1867 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６６２】

【表Ａ１－１２０】

| | |
|---|---|
| 1868 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ<br>EAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP<br>TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA<br>GWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQPIPD<br>ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPK<br>RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1870 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI<br>KQYPMSQRAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR<br>DPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK<br>ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK<br>KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDL<br>TDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALL<br>KALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６６３】

【表Ａ１－１２１】

| | |
|---|---|
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | MGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1875 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

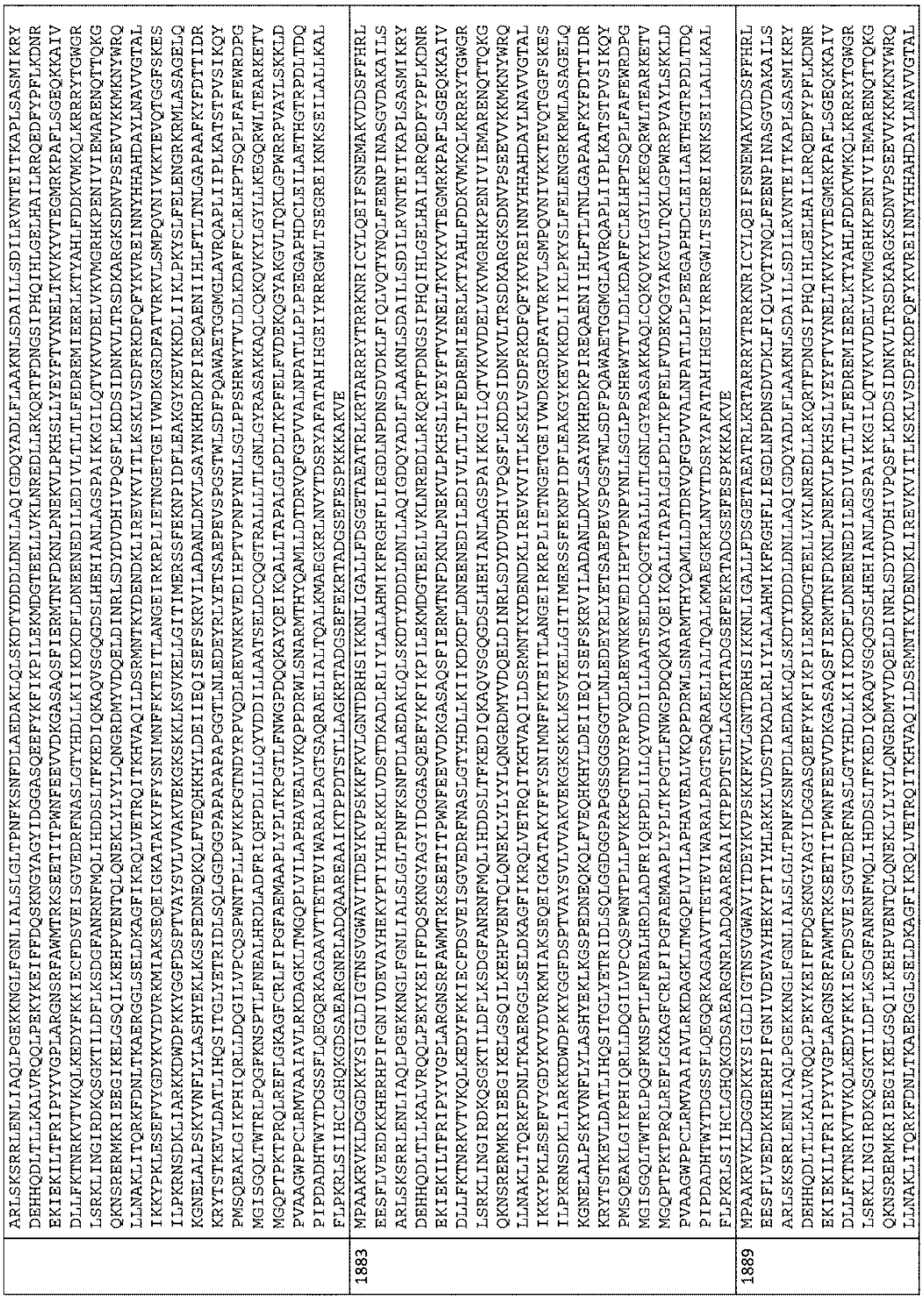
【０６６４】

【表Ａ１－１２２】

| | |
|---|---|
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1876 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | PLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAE |
| | THGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKN |
| | KSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1877 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDL |
| | TDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1881 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６６５】

【表Ａ１－１２３】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1883 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| 1889 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０６６６】

【表Ａ１－１２４】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1899 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1937 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |

【０６６７】

【表Ａ１－１２５】

| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1938 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1939 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1940 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６６８】

【表Ａ１－１２６】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLE |
| | AHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPP |
| | PRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAG |
| | WPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPD |
| | ADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQ |
| | EVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1942 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1943 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

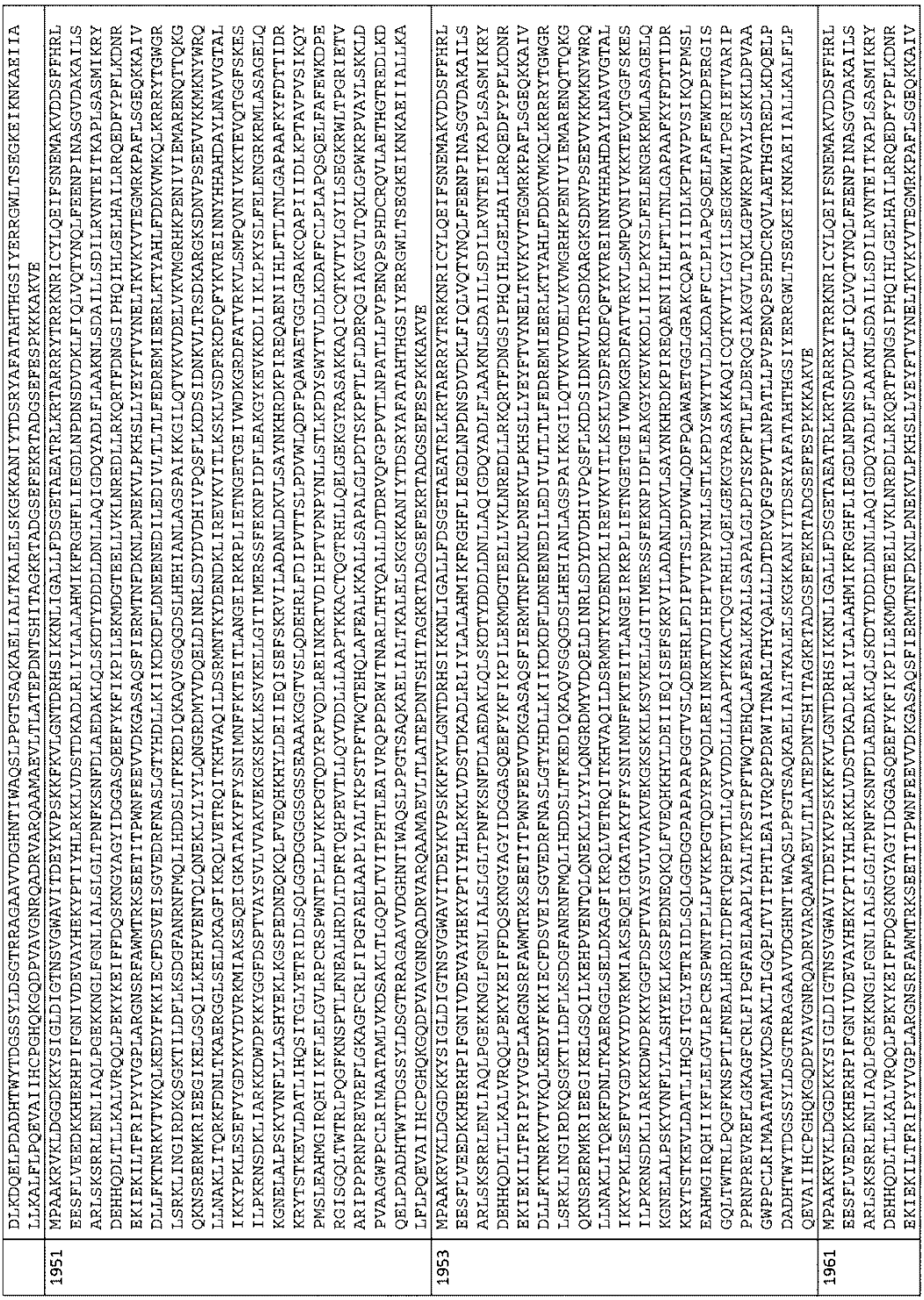
【０６６９】

【表Ａ１－１２７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1945 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEA |
| | HMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPP |
| | RNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPDA |
| | DHTWYTPGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQE |
| | VAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1949 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVS |
| | IKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEW |
| | KDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGR |
| | IETVARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRE |

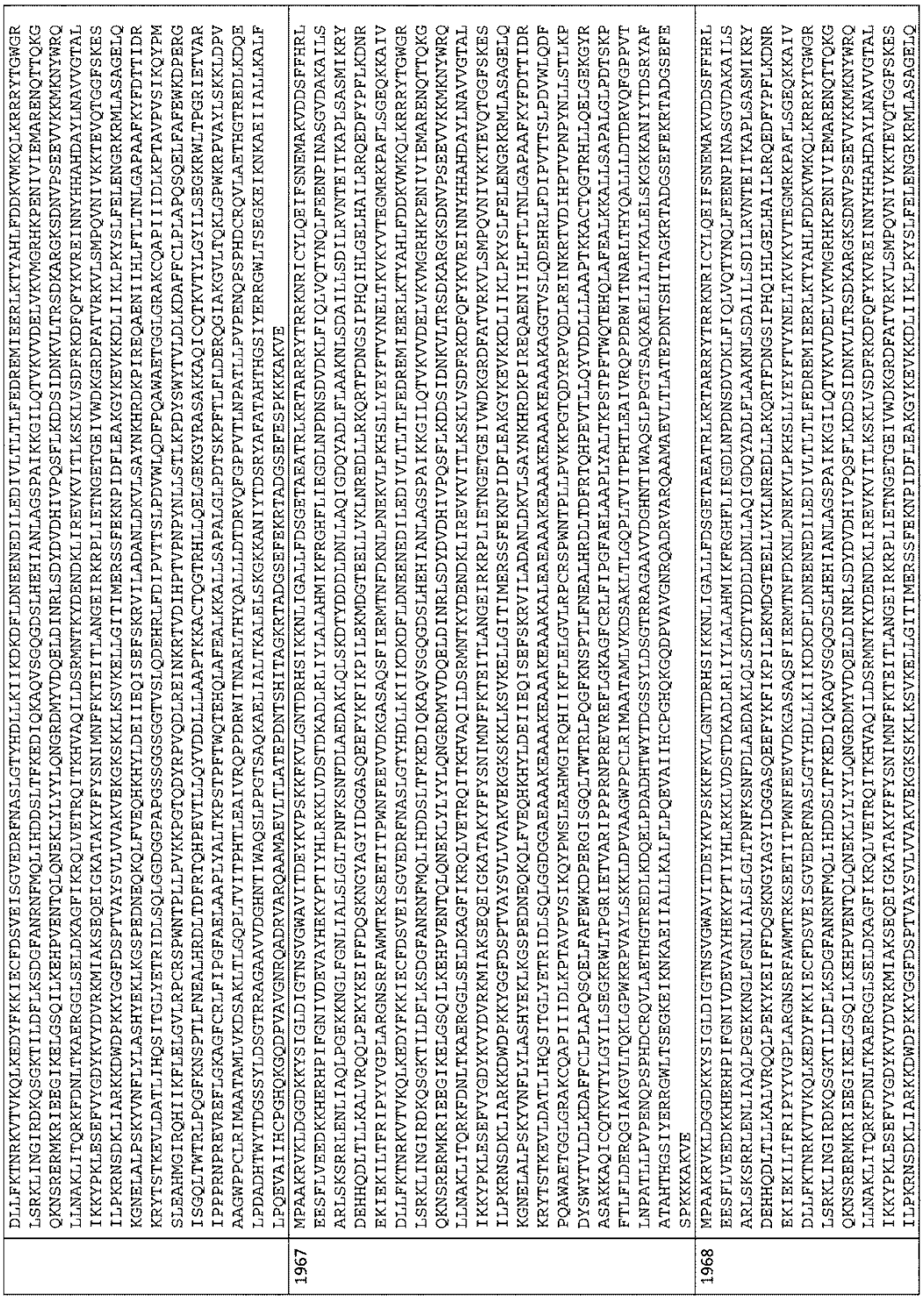
【０６７０】

【表Ａ１－１２８】



【０６７１】

【表Ａ１－１２９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFEKKAKVE |
| 1967 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDF |
| | PQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKP |
| | DYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYR |
| | ASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKP |
| | FTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVT |
| | LNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAF |
| | ATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFE |
| | SPKKKAKVE |
| 1968 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

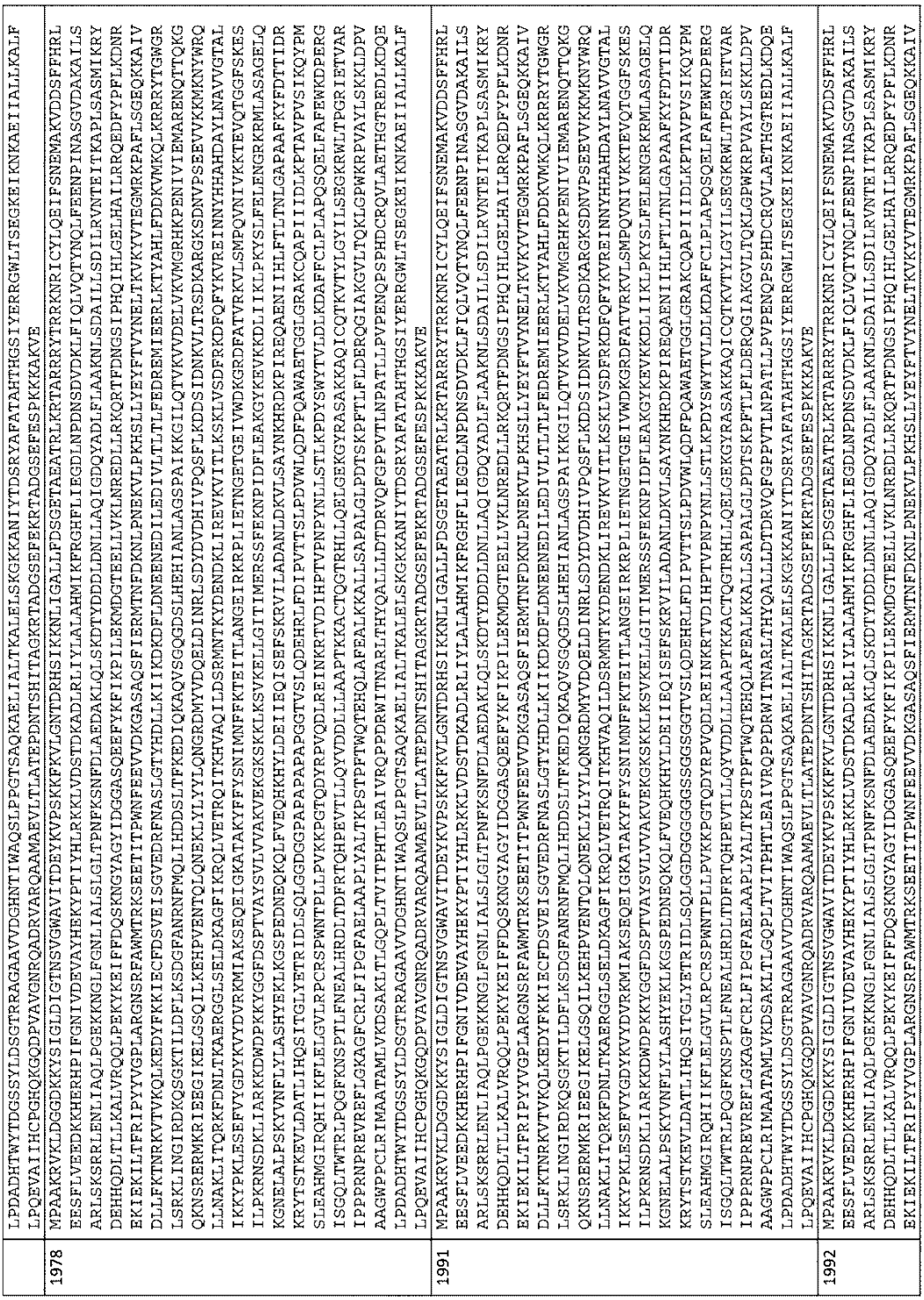
【０６７２】

【表Ａ１－１３０】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1970 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSGSSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLE |
| | AHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPP |
| | PRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAG |
| | WPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPD |
| | ADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQ |
| | EVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1976 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |

【０６７３】

【表Ａ１－１３１】



| | |
|---|---|
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1978 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1991 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1992 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

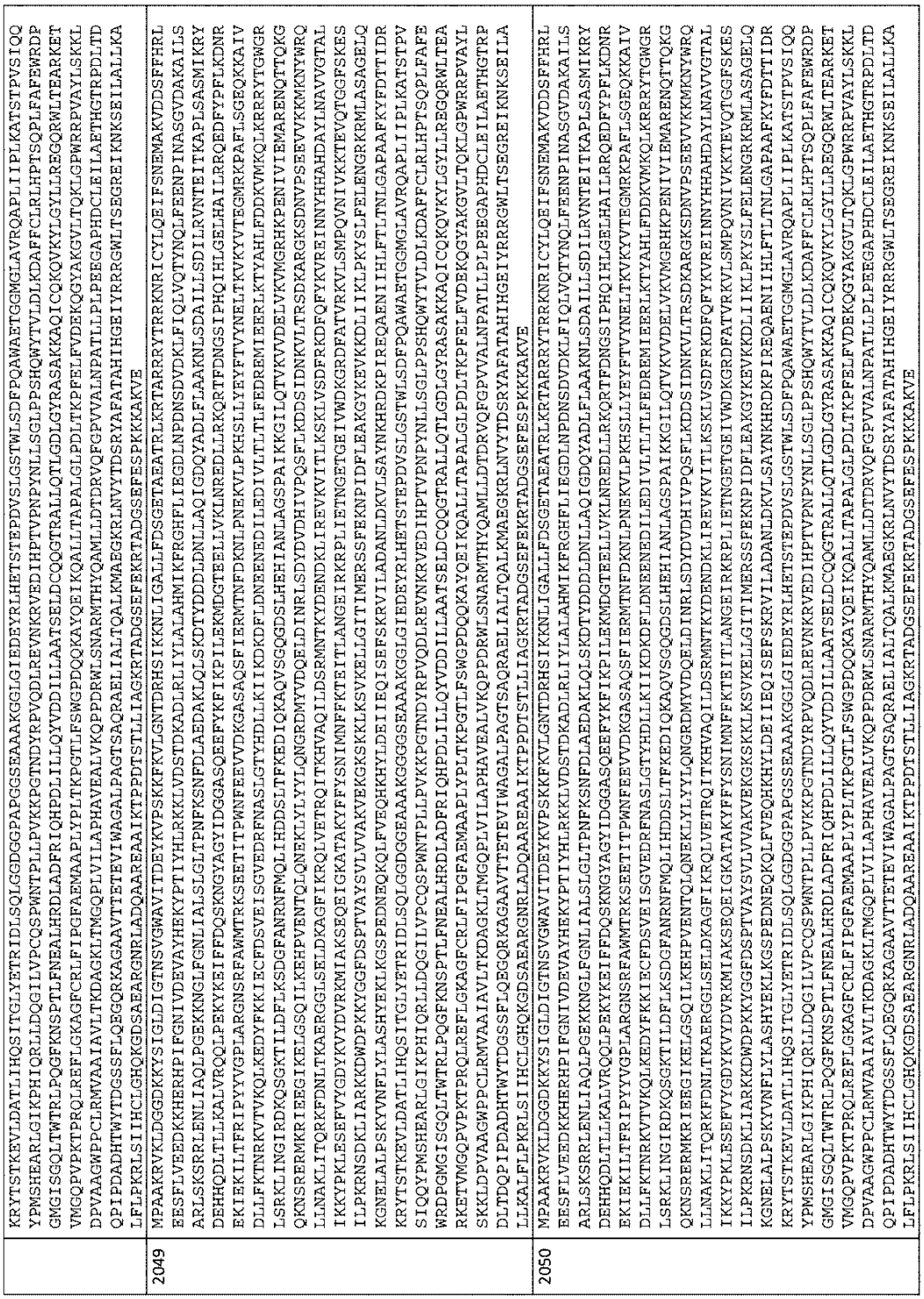
【０６７４】

【表Ａ１－１３２】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGSGGSGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVS |
| | IKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEW |
| | KDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGR |
| | IETVARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRE |
| | DLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIA |
| | LLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2048 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2048 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６７５】

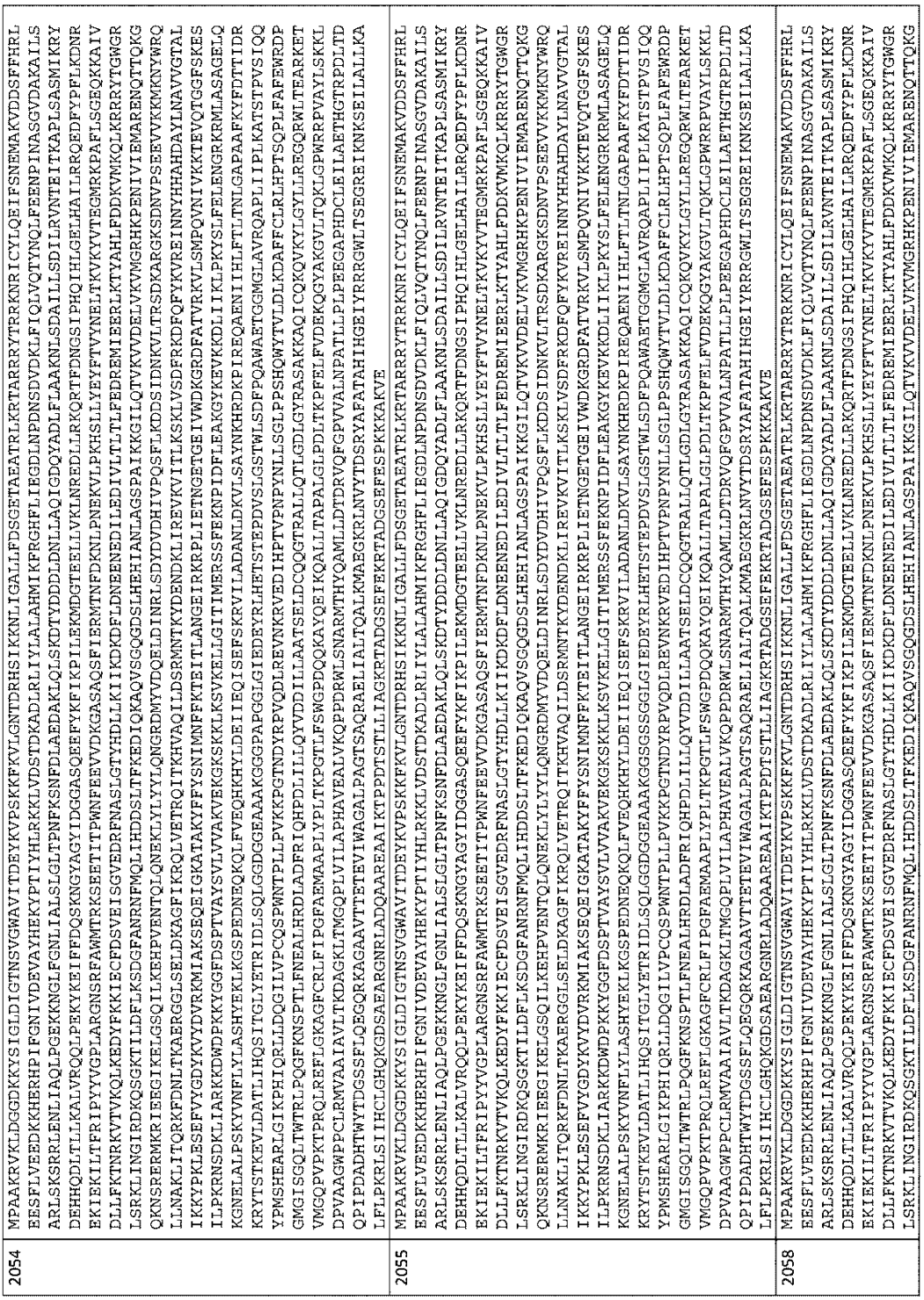
【表Ａ１－１３３】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2049 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEA |
| | RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYIL |
| | SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRP |
| | DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA |
| | LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2050 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６７６】

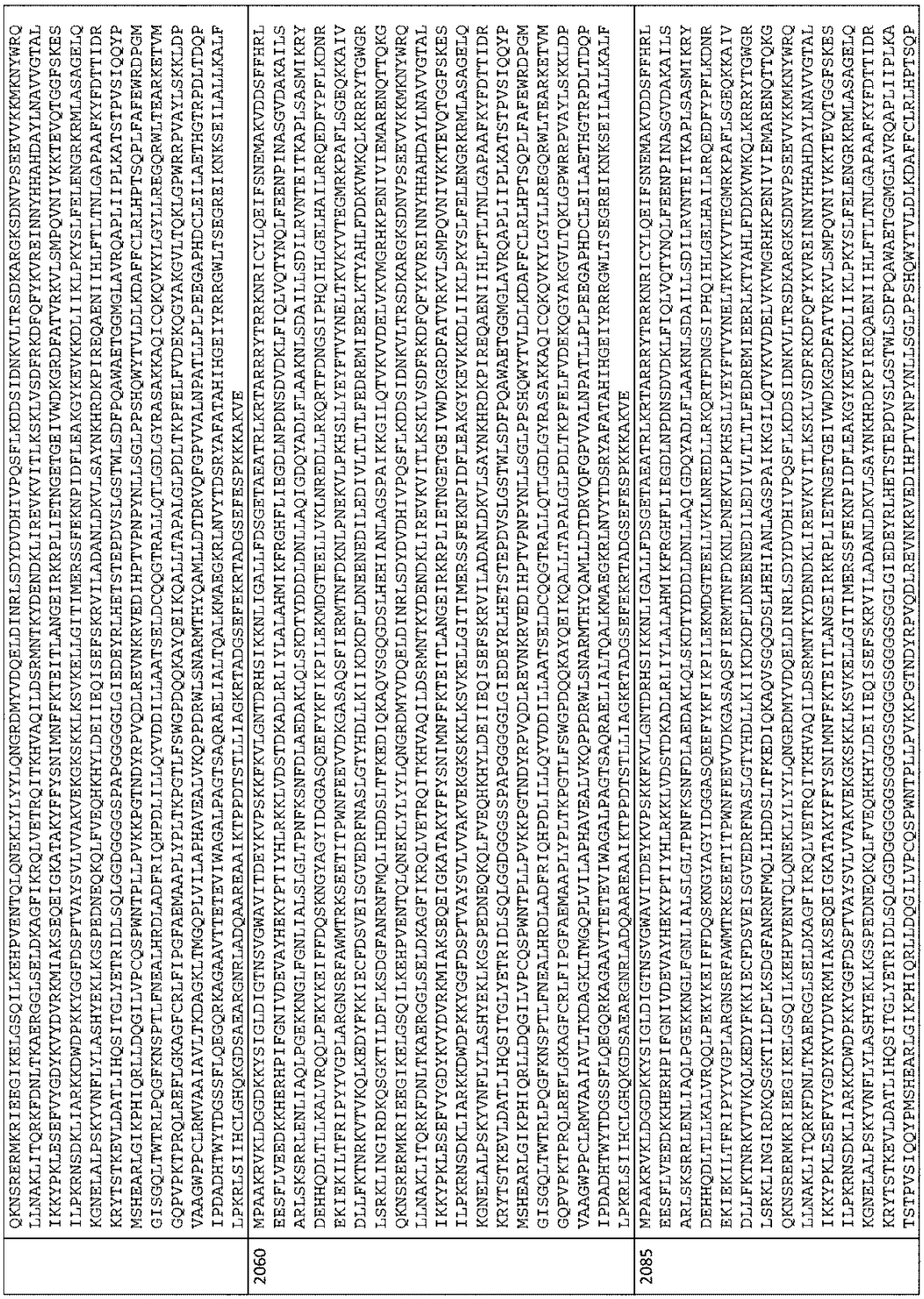
【表Ａ１－１３４】



| | |
|---|---|
| 2054 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2055 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2058 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６７７】

【表Ａ１－１３５】



【０６７８】

【表Ａ１－１３６】

| | |
|---|---|
| | LFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQR |
| | WLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRR |
| | PVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAET |
| | HGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNK |
| | SEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2086 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | IPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | PTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLL |
| | REGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKL |
| | GPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLE |
| | ILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGR |
| | EIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2087 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | QQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDL |
| | TDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2089 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

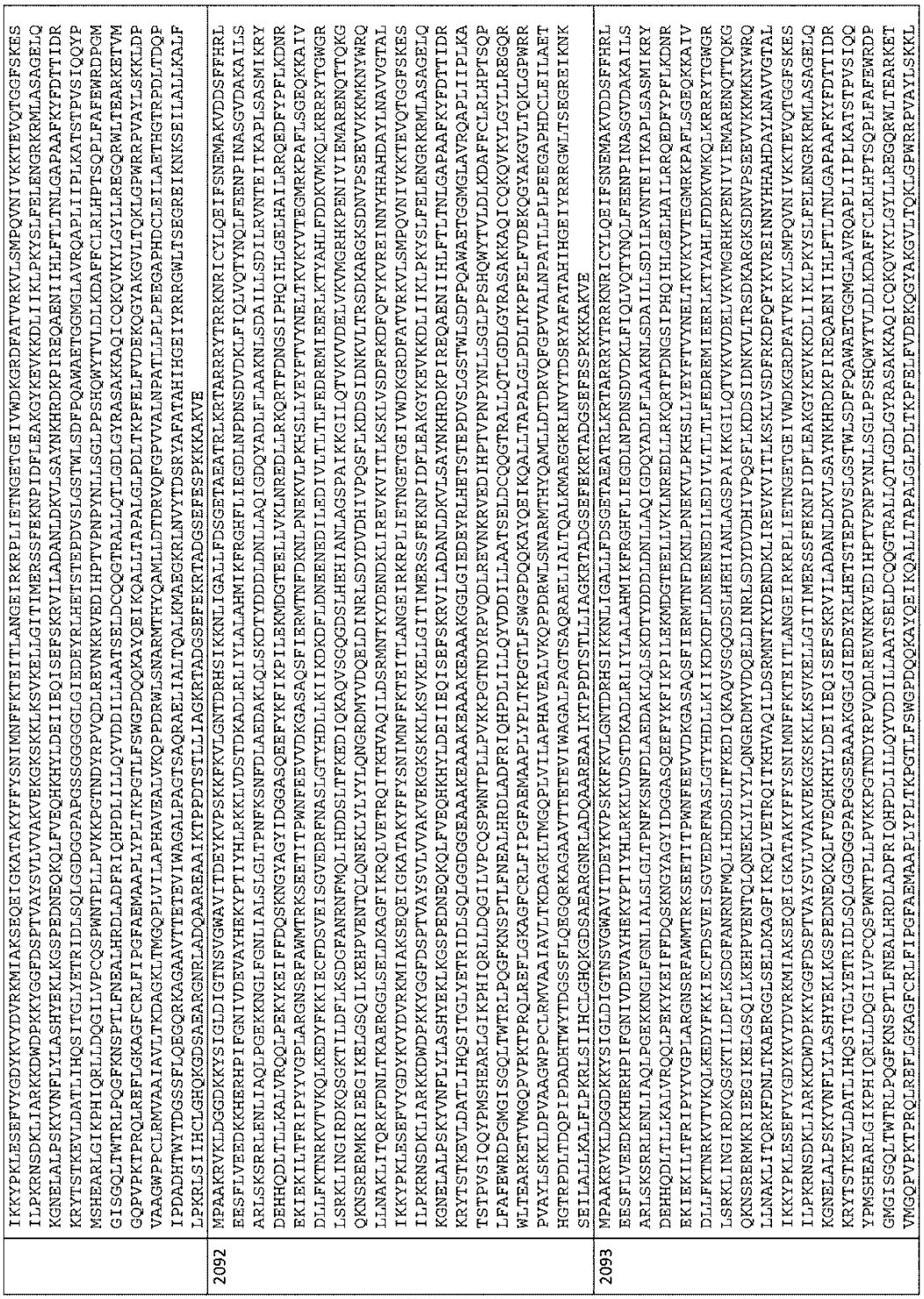
【０６７９】

【表Ａ１－１３７】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAITKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2090 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARREAAITKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2091 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０６８０】

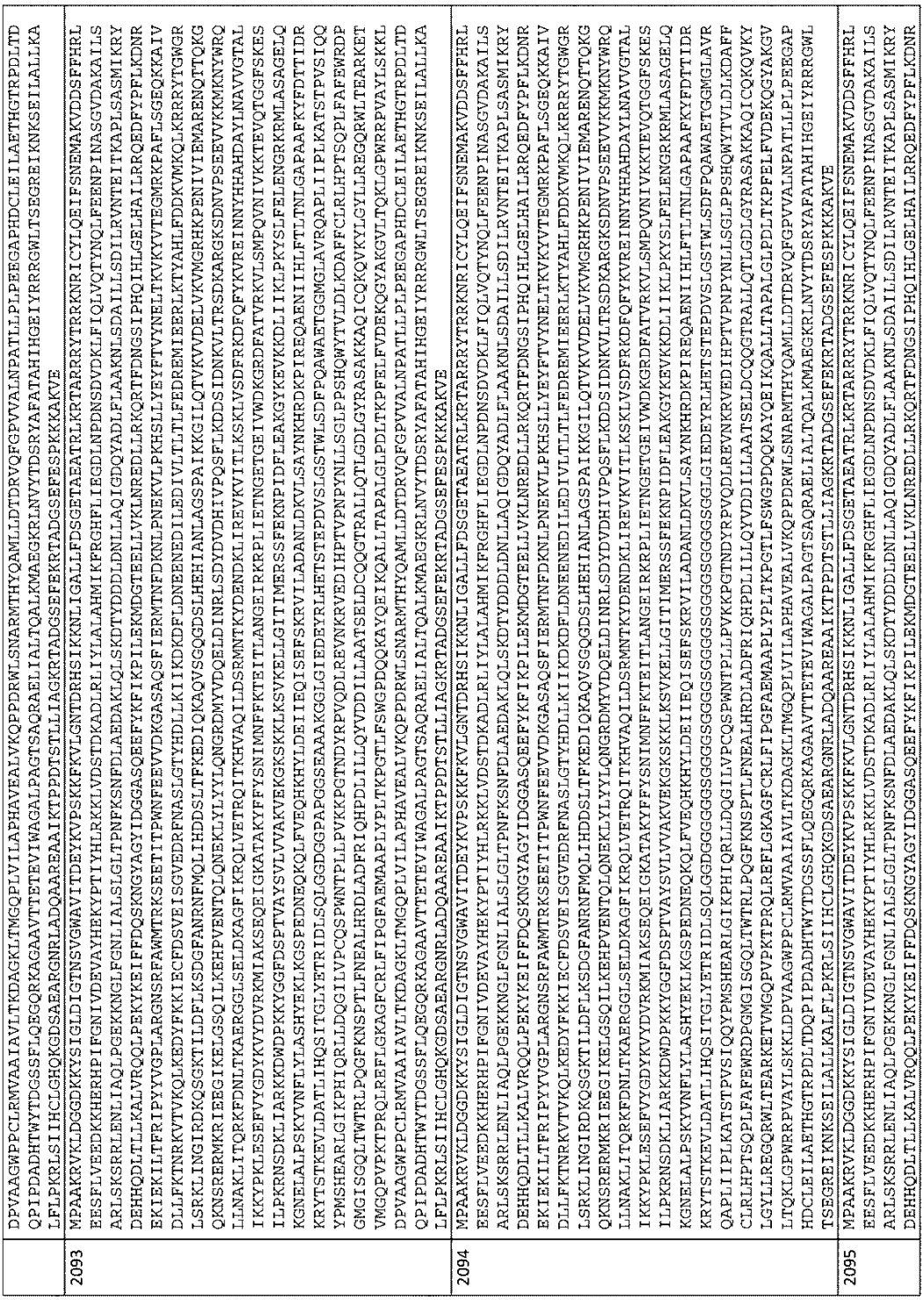
【表Ａ１－１３８】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP<br>MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM<br>GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP<br>IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2092 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRR<br>PVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAET<br>HGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNK<br>SEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |

【０６８１】

【表Ａ１－１３９】



| | |
|---|---|
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARGAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARGAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2094 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVR |
| | QAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKY |
| | LGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGV |
| | LTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP |
| | HDCLEIILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWL |
| | TSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARGAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2095 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

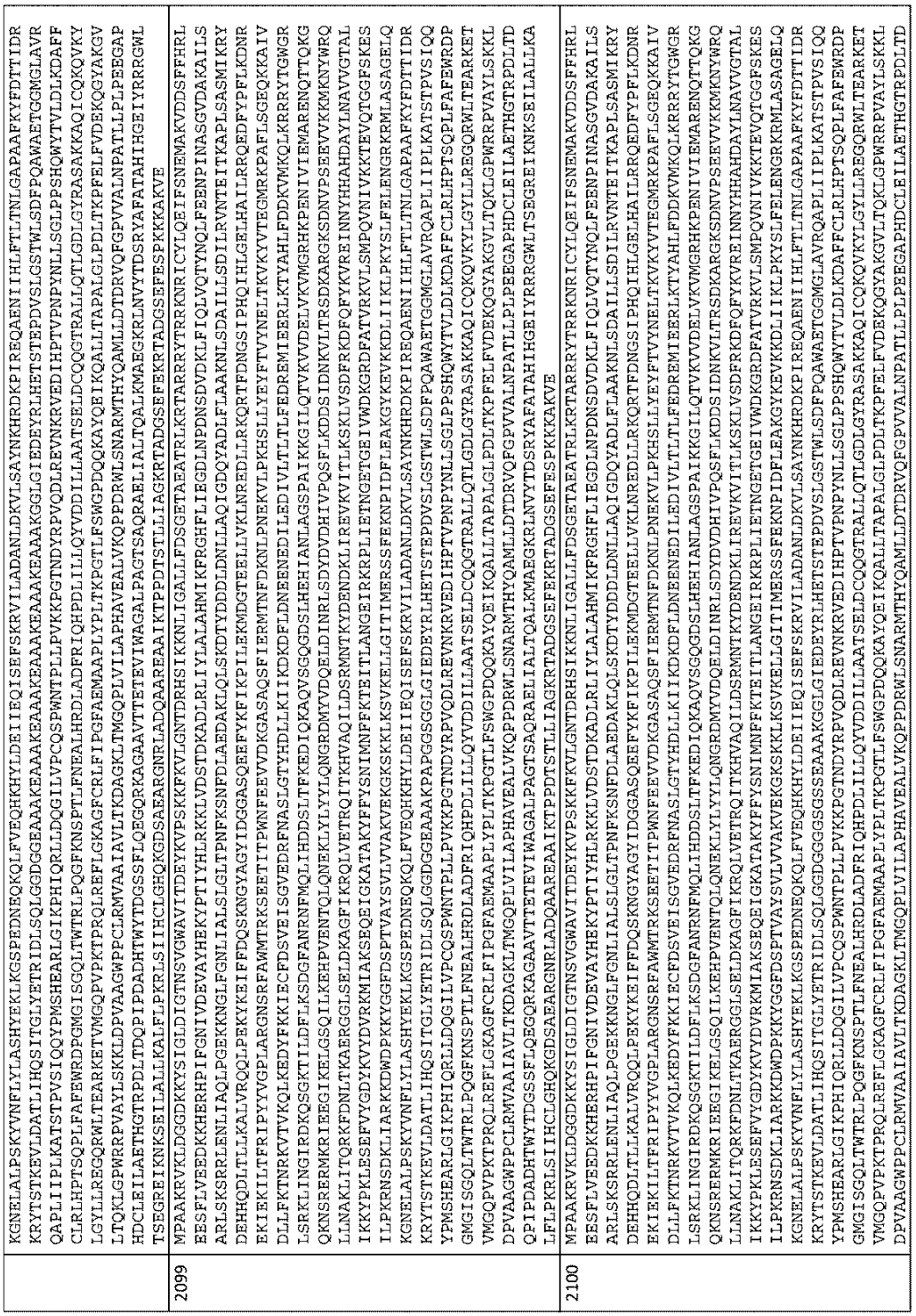
【０６８２】

【表Ａ１－１４０】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2097 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2098 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６８３】

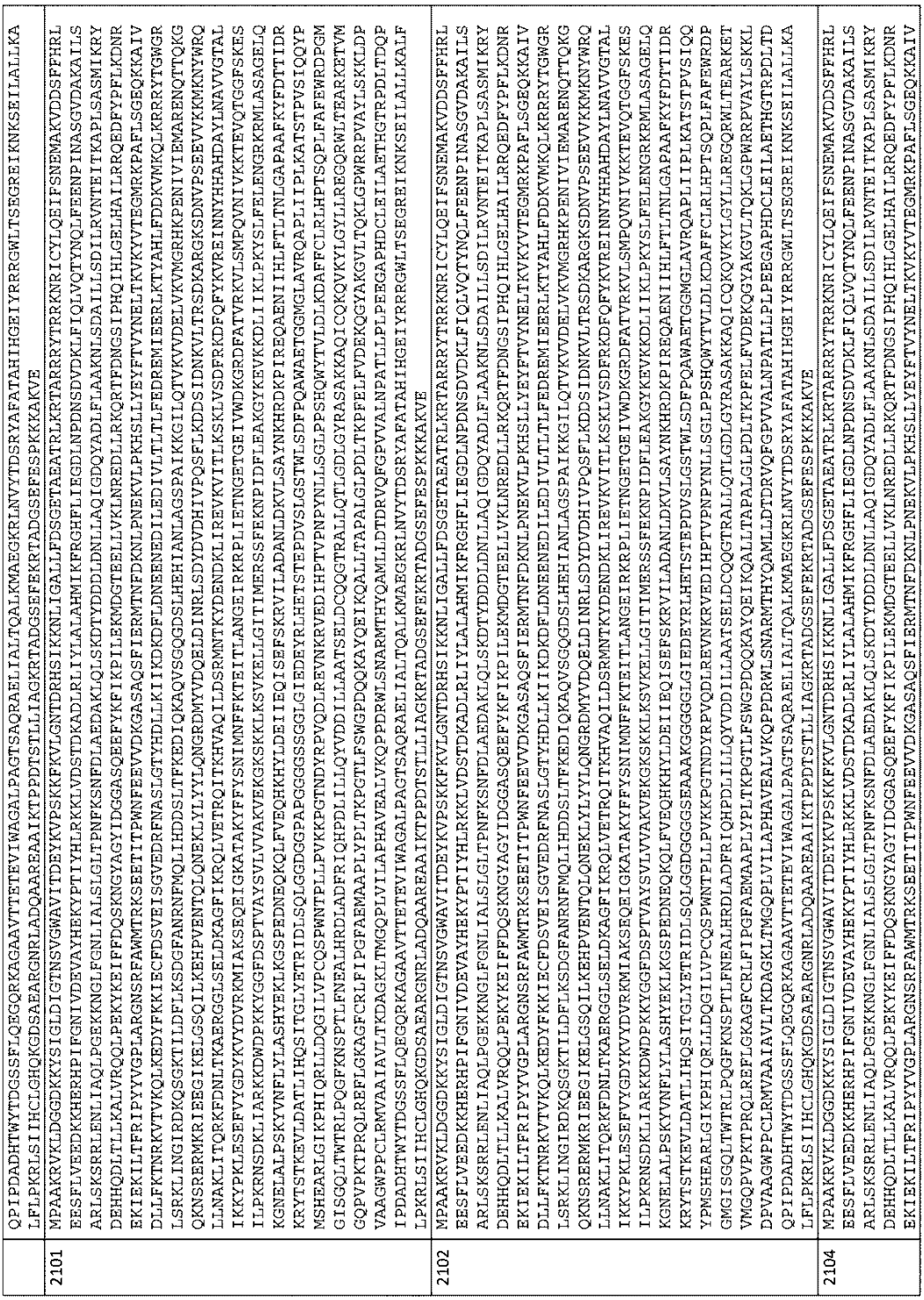
【表Ａ１－１４１】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVR |
| | QAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKY |
| | LGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGV |
| | LTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP |
| | HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWL |
| | TSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2099 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2100 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |

【０６８４】

【表Ａ１－１４２】



| | |
|---|---|
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2101 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2102 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2104 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６８５】

【表Ａ１－１４３】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPM |
| | SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG |
| | QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQPI |
| | PDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKALFL |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2105 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMG |
| | QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQPI |
| | PDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKALFL |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2106 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６８６】

【表Ａ１－１４４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPV |
| | SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEA |
| | RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRP |
| | DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA |
| | LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2109 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2110 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMS |
| | HEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

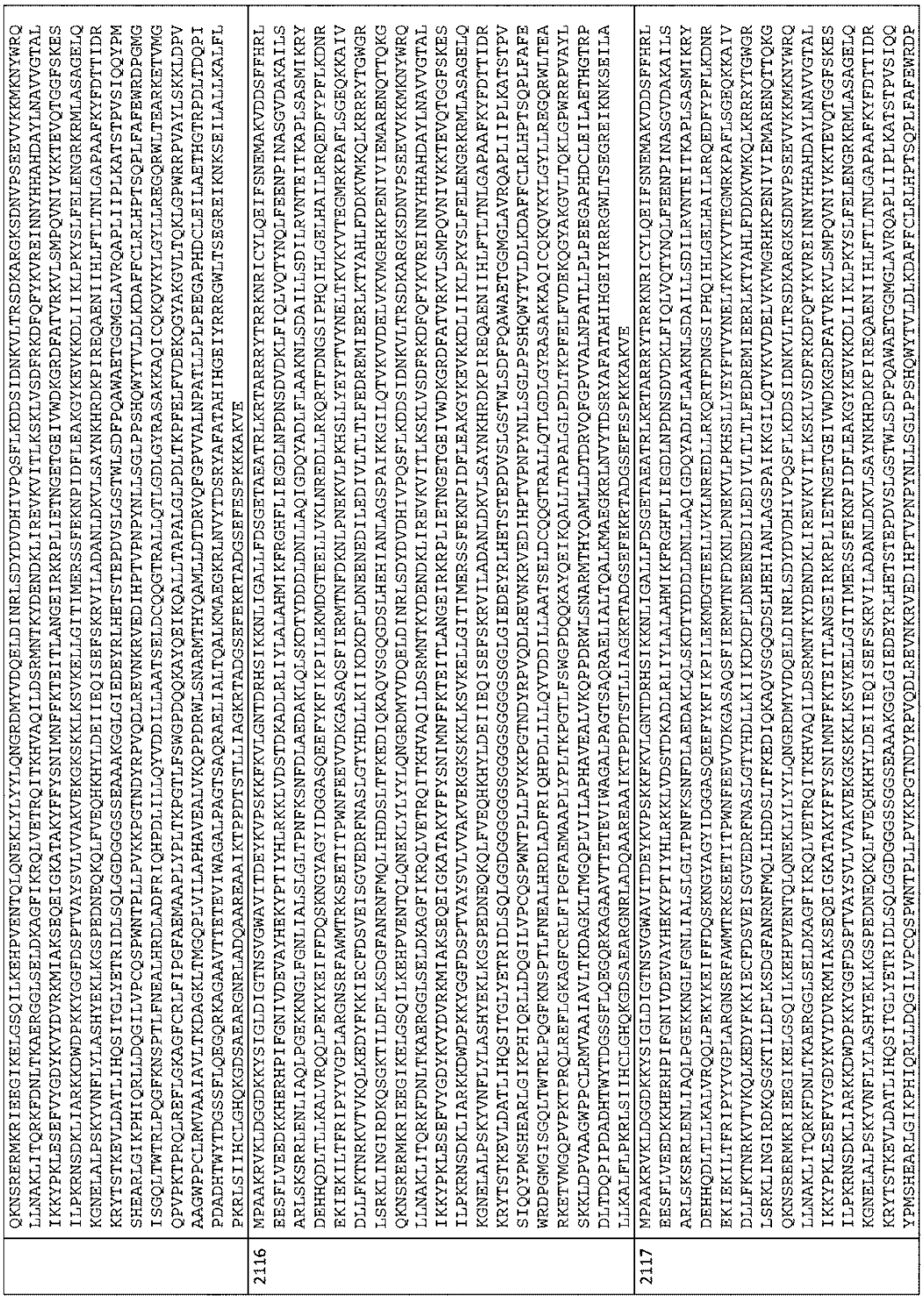
【０６８７】

【表Ａ１－１４５】

| | |
|---|---|
| 2112 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2114 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP<br>MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM<br>GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP<br>IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSSEFESPKKKAKVE |
| 2115 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６８８】

【表Ａ１－１４６】



| | |
|---|---|
| 2116 | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPM<br>SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG<br>ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMG<br>QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPI<br>PDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFL<br>PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPV<br>SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE<br>WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEA<br>RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL<br>SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRP<br>DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA<br>LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６８９】

【表Ａ１－１４７】

| | |
|---|---|
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2120 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2122 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2123 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６９０】

【表Ａ１－１４８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLISGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2131 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEAR |
| | LGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPVPK |
| | TPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWP |
| | PCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADH |
| | TWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLS |
| | IIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2132 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

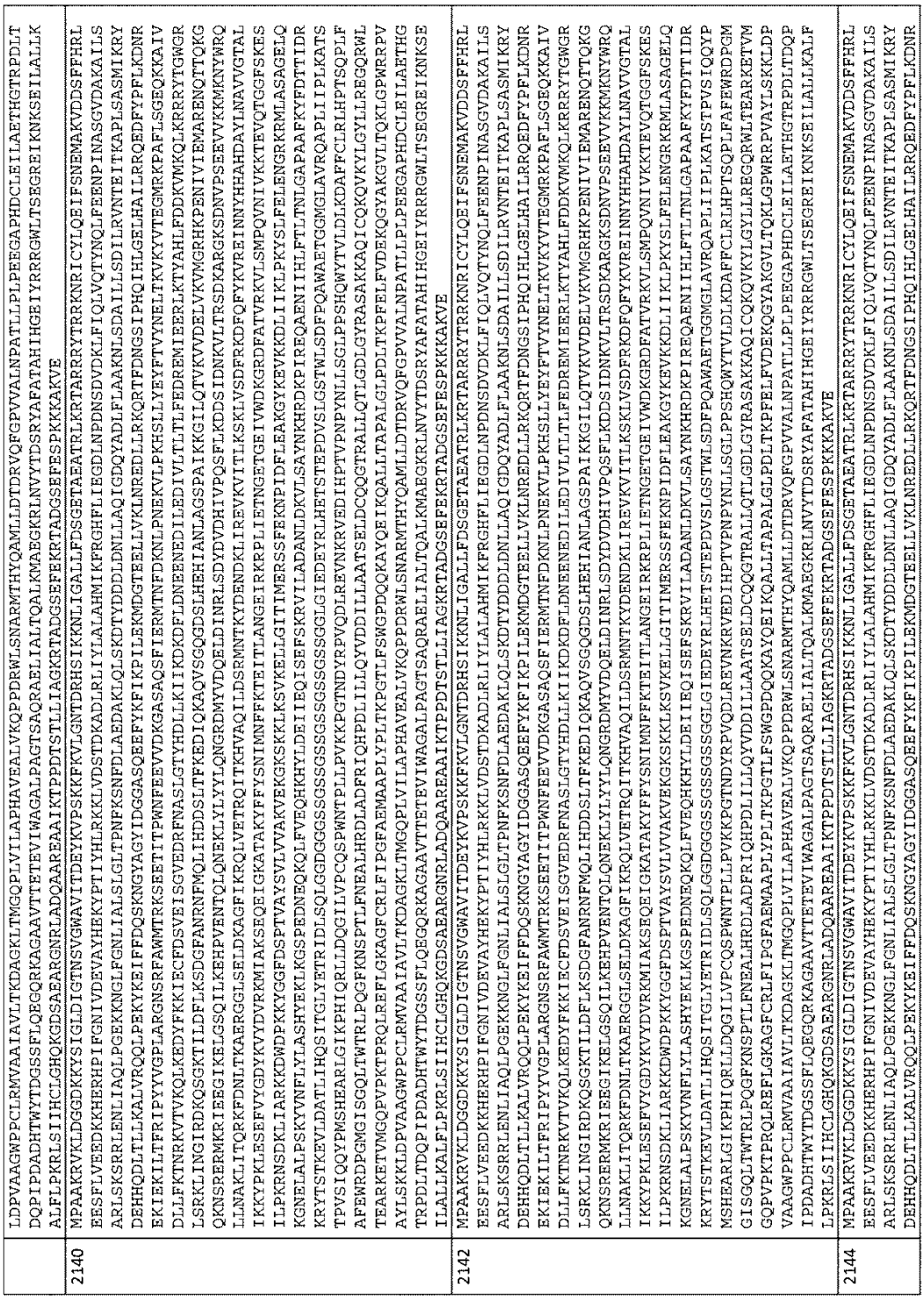
【０６９１】

【表Ａ１－１４９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2133 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2137 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０６９２】

【表Ａ１－１５０】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLIDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2140 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGSSGSSGSSGSSGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATS<br>TPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF<br>AFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWL<br>TEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPV<br>AYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHG<br>TRPDLITQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSE<br>ILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2142 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGSSGSSGSSGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP<br>MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM<br>GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLIDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQP<br>IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2144 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６９３】

【表Ａ１－１５１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPV |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAG |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHE |
| | WPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQPIPDA |
| | DHTWYTPGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKR |
| | LSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2145 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| 2146 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

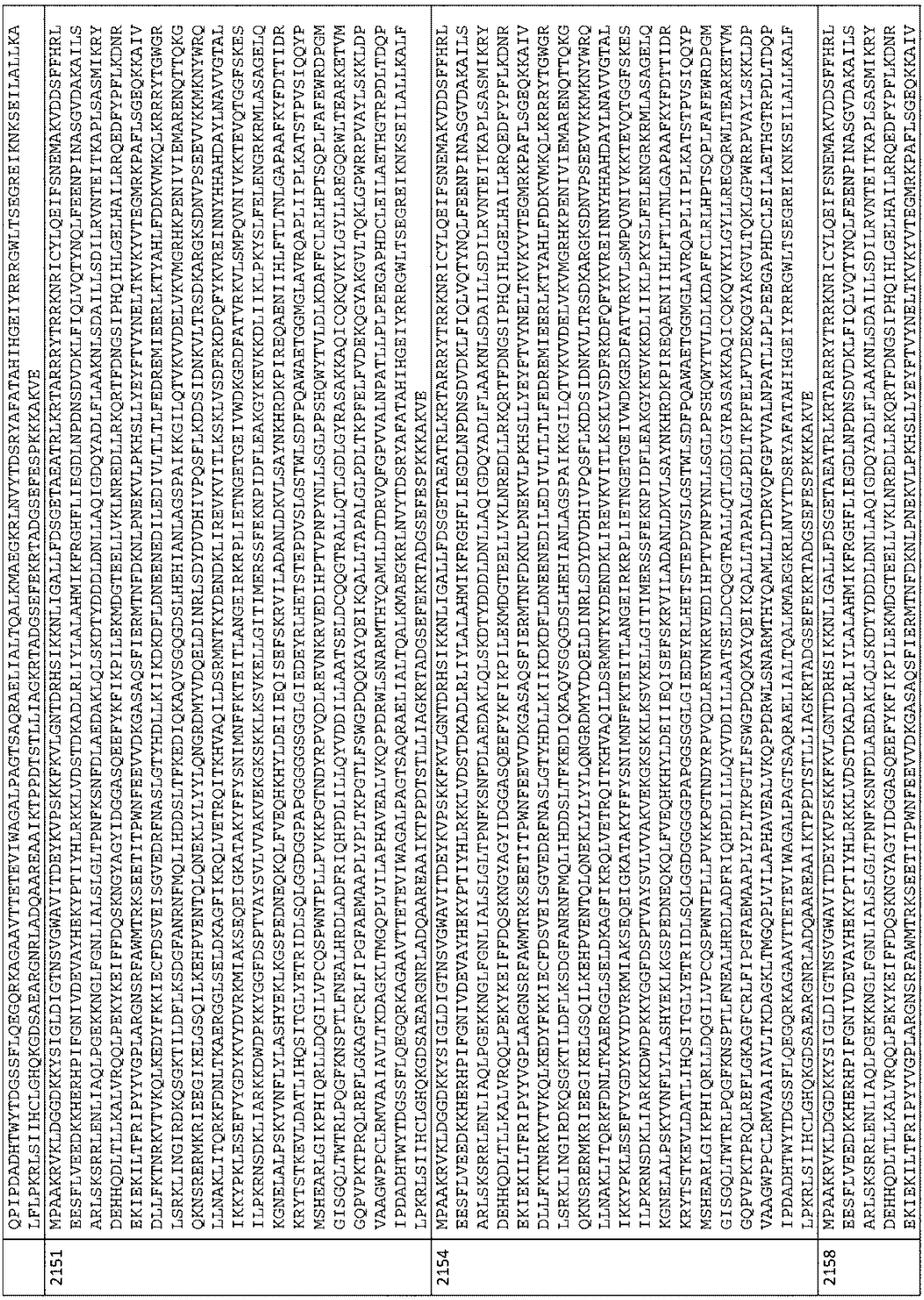
【０６９４】

【表Ａ１－１５２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2148 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSH |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQP |
| | VPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2149 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |

【０６９５】

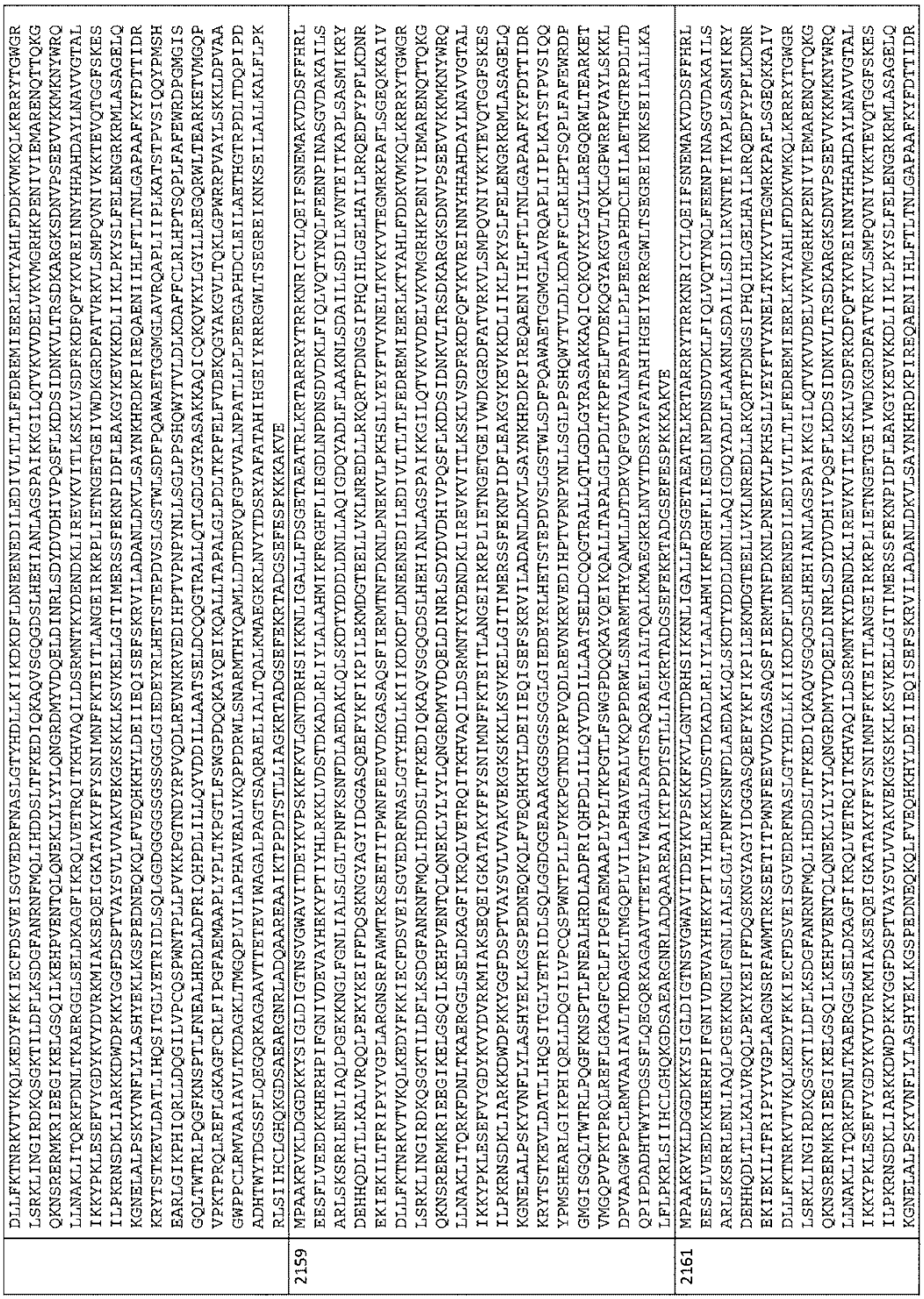
【表Ａ１－１５３】



| | |
|---|---|
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2151 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2154 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2158 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６９６】

【表Ａ１－１５４】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTFVSIQQYPWSH |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQP |
| | VPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2159 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2161 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６９７】

【表Ａ１－１５５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2165 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2172 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

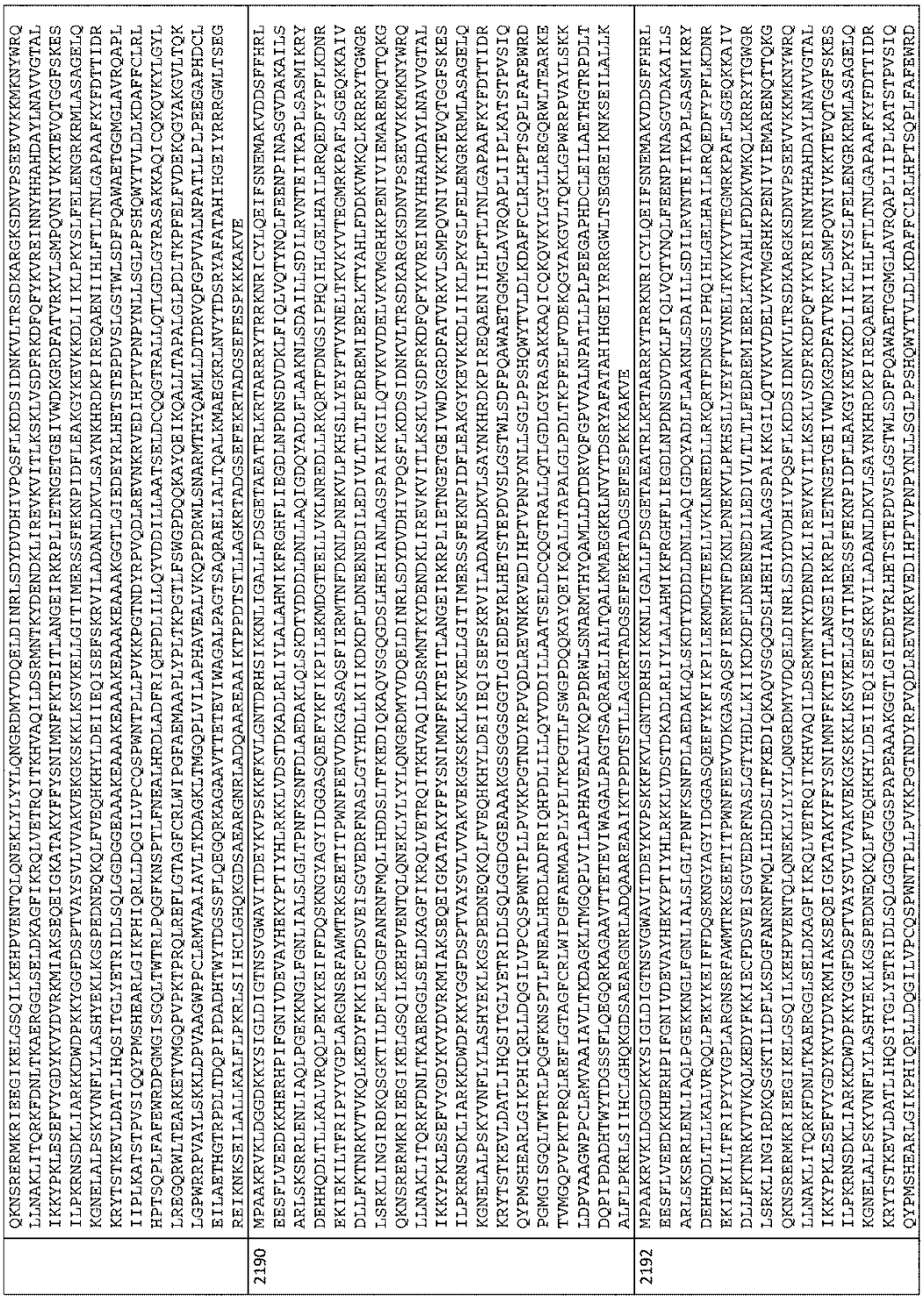
【０６９８】

【表Ａ１－１５６】

| | |
|---|---|
| 2174 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE | AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2187 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLGTIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ<br>QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE<br>TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE | AAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2188 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG | | |

【０６９９】

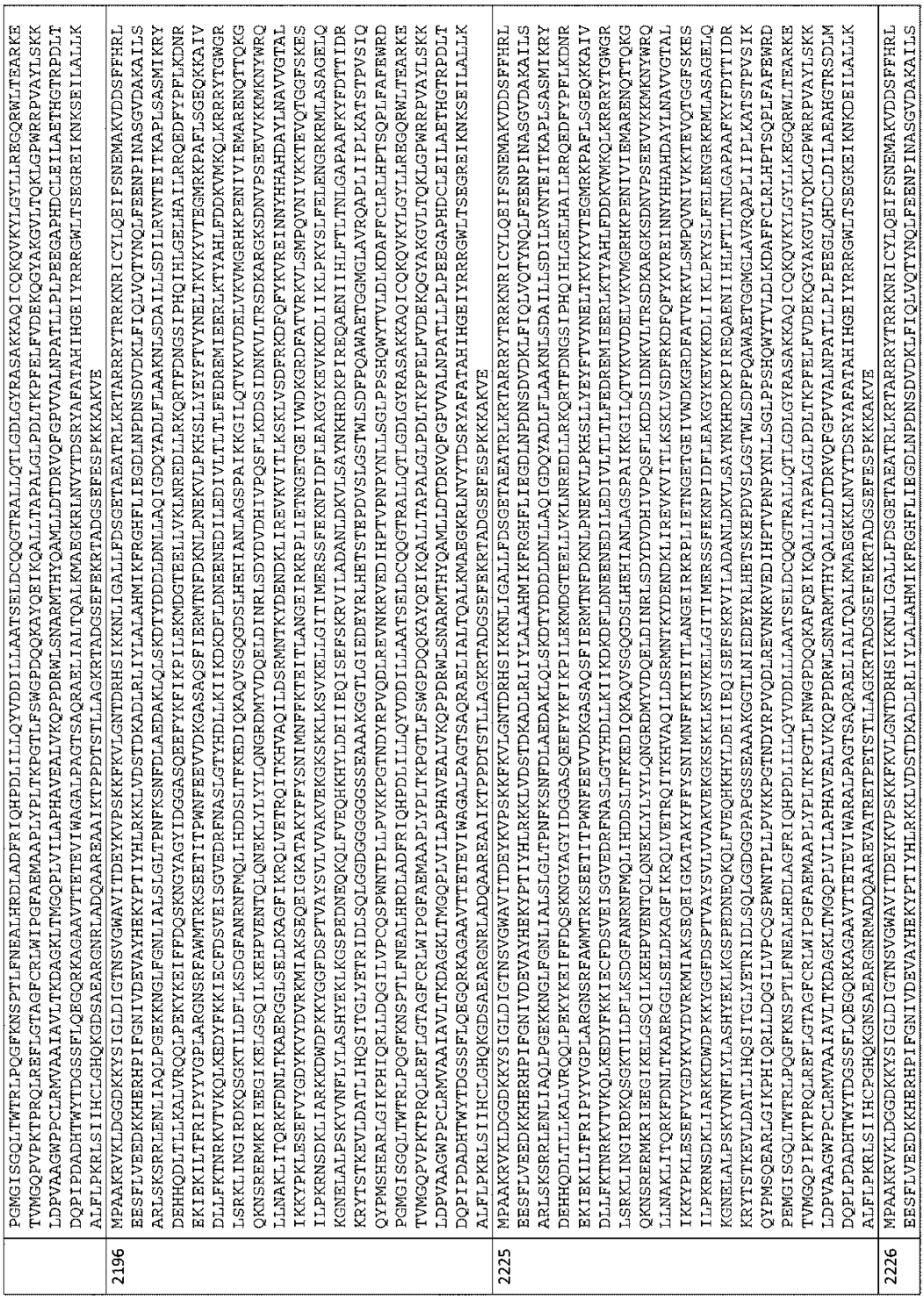
【表Ａ１－１５７】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCL |
| | EILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGR |
| | REIKNKSEIIALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2190 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2192 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPRSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０７００】

【表Ａ１－１５８】



| | |
|---|---|
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2196 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2225 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2226 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

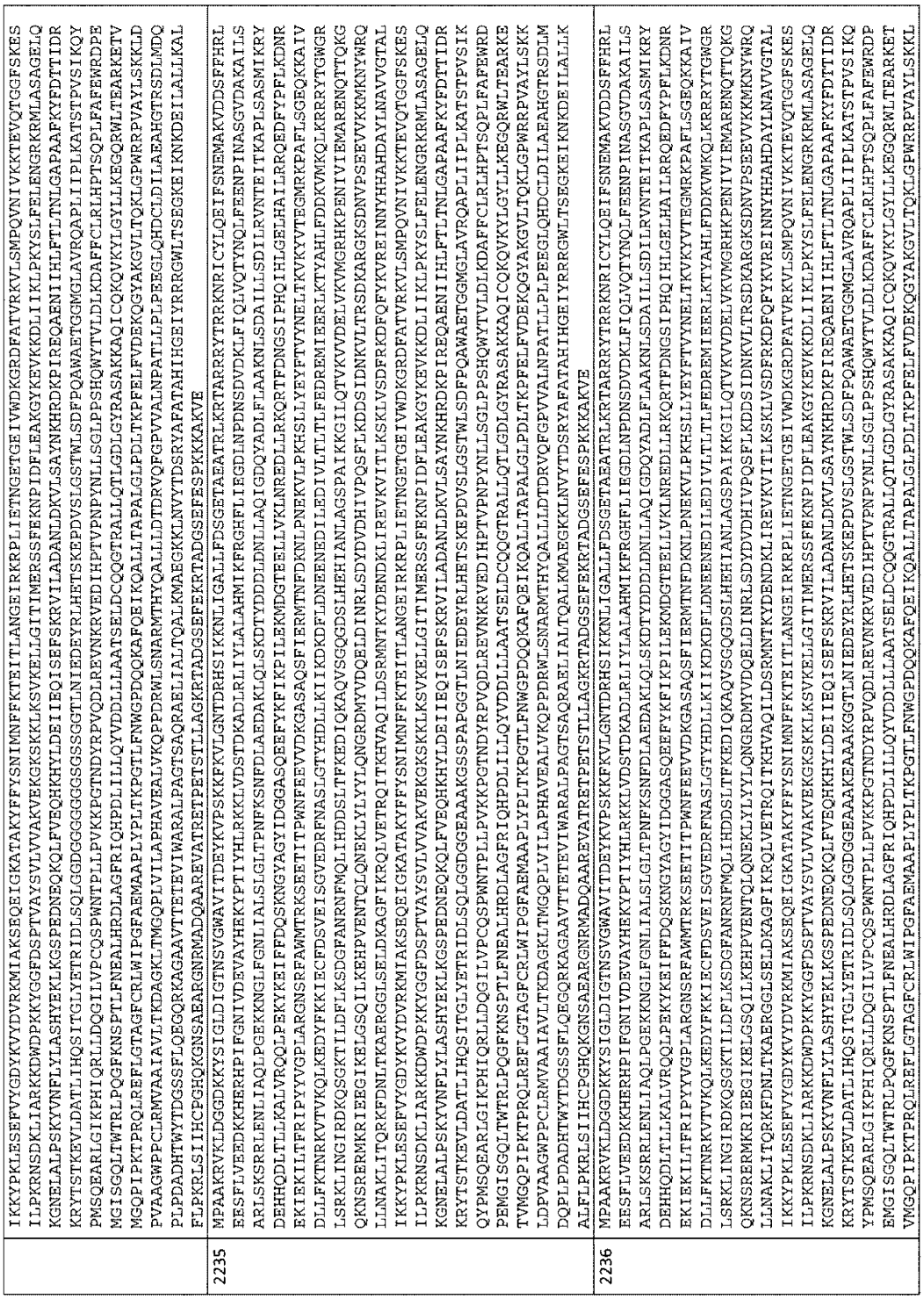
【０７０１】

【表Ａ１－１５９】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLP |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIA |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2227 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARVATRETPTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2231 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７０２】

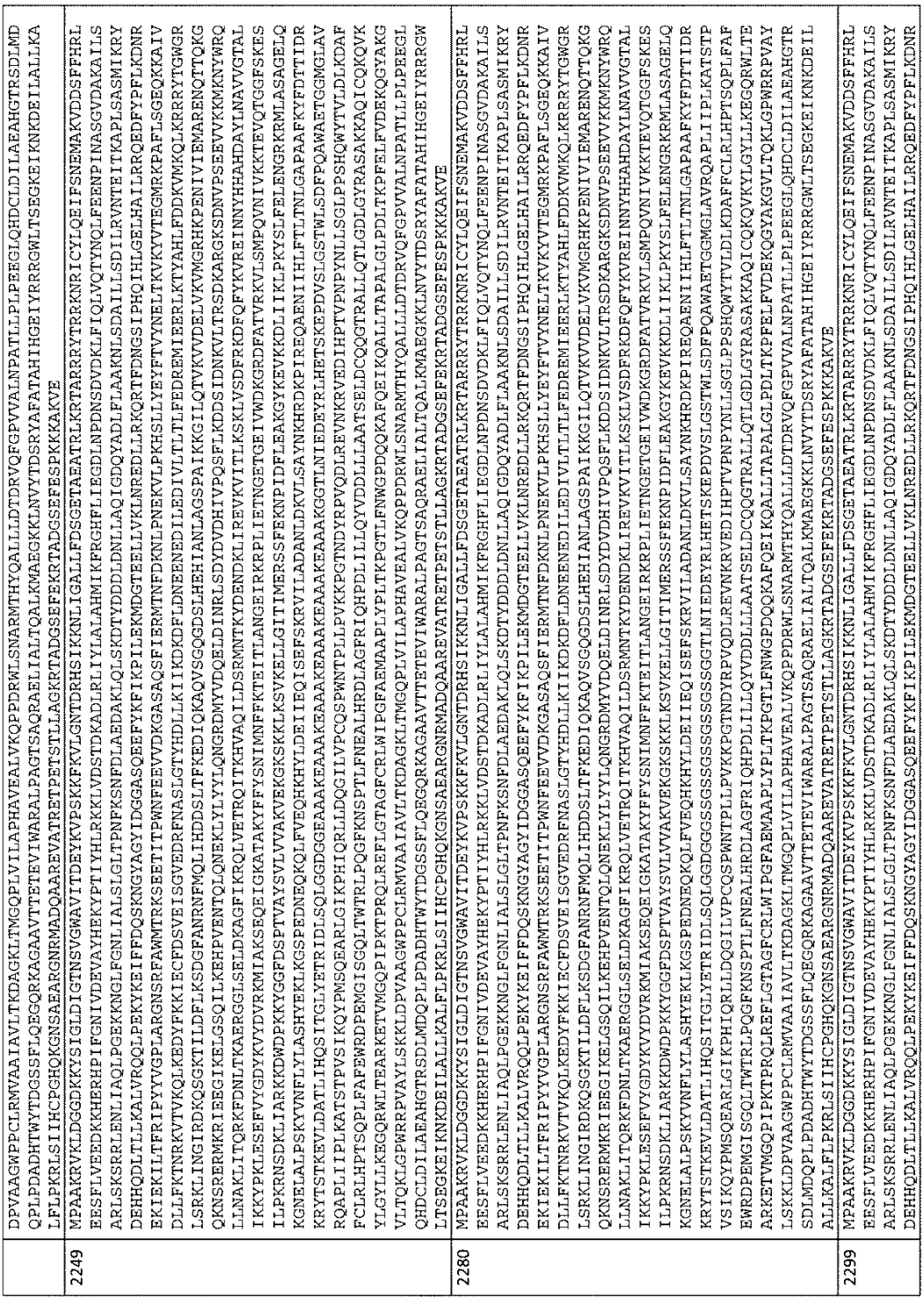
【表Ａ１－１６０】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKVFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPS |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2235 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2236 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |

【０７０３】

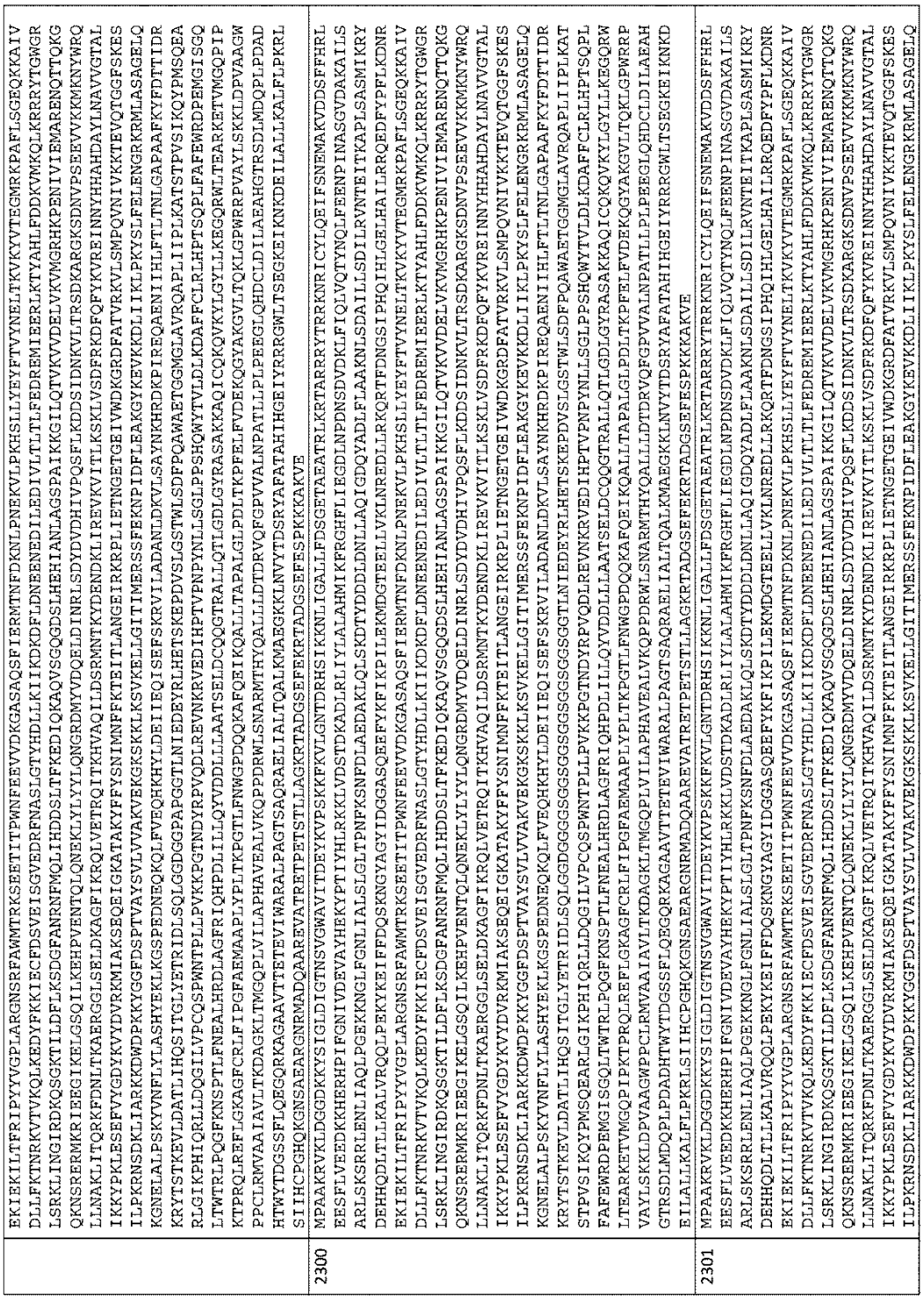
【表Ａ１－１６１】



| | |
|---|---|
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2249 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGV |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2280 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2299 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７０４】

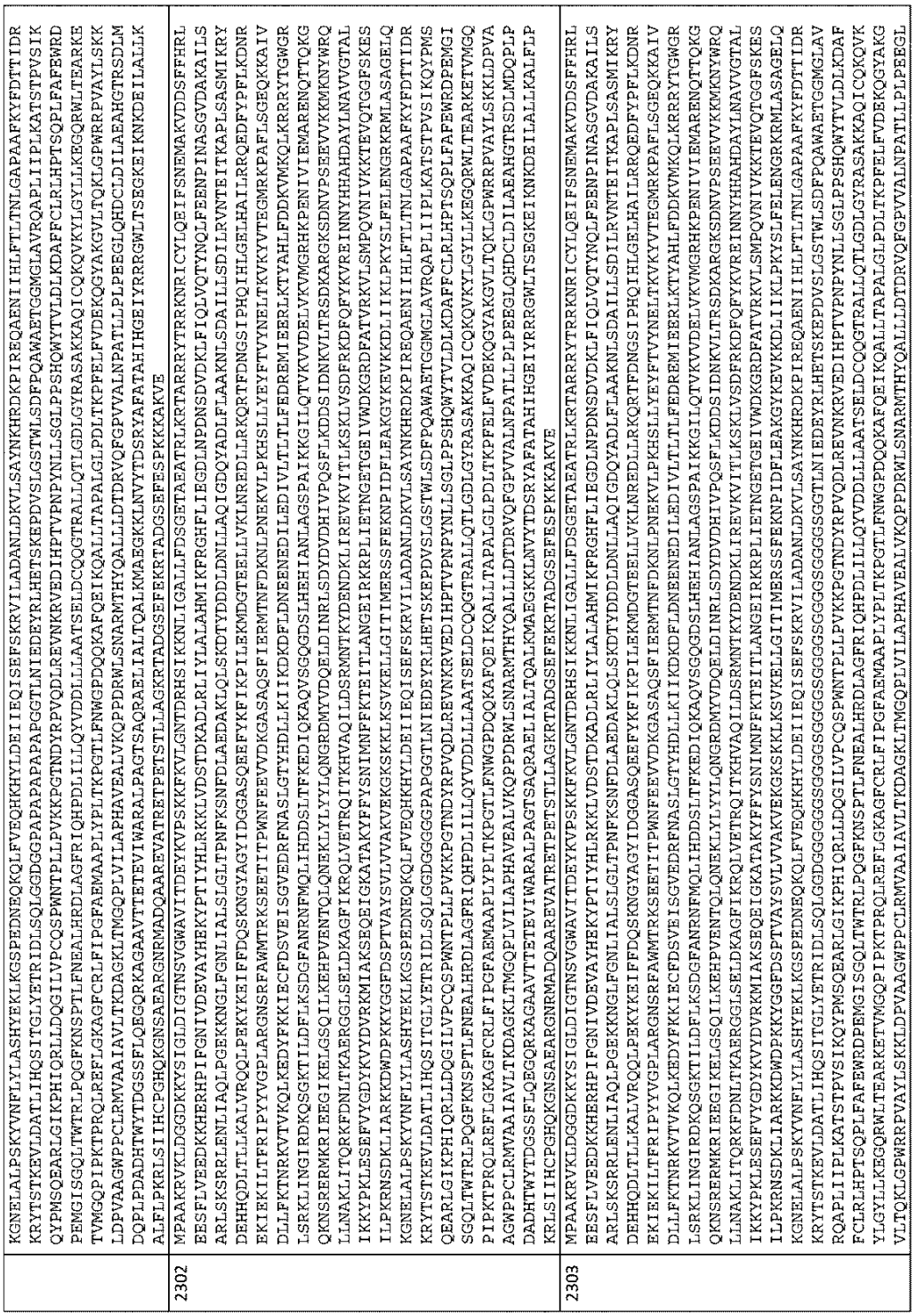
【表Ａ１－１６２】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2300 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAR |
| | LGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2301 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７０５】

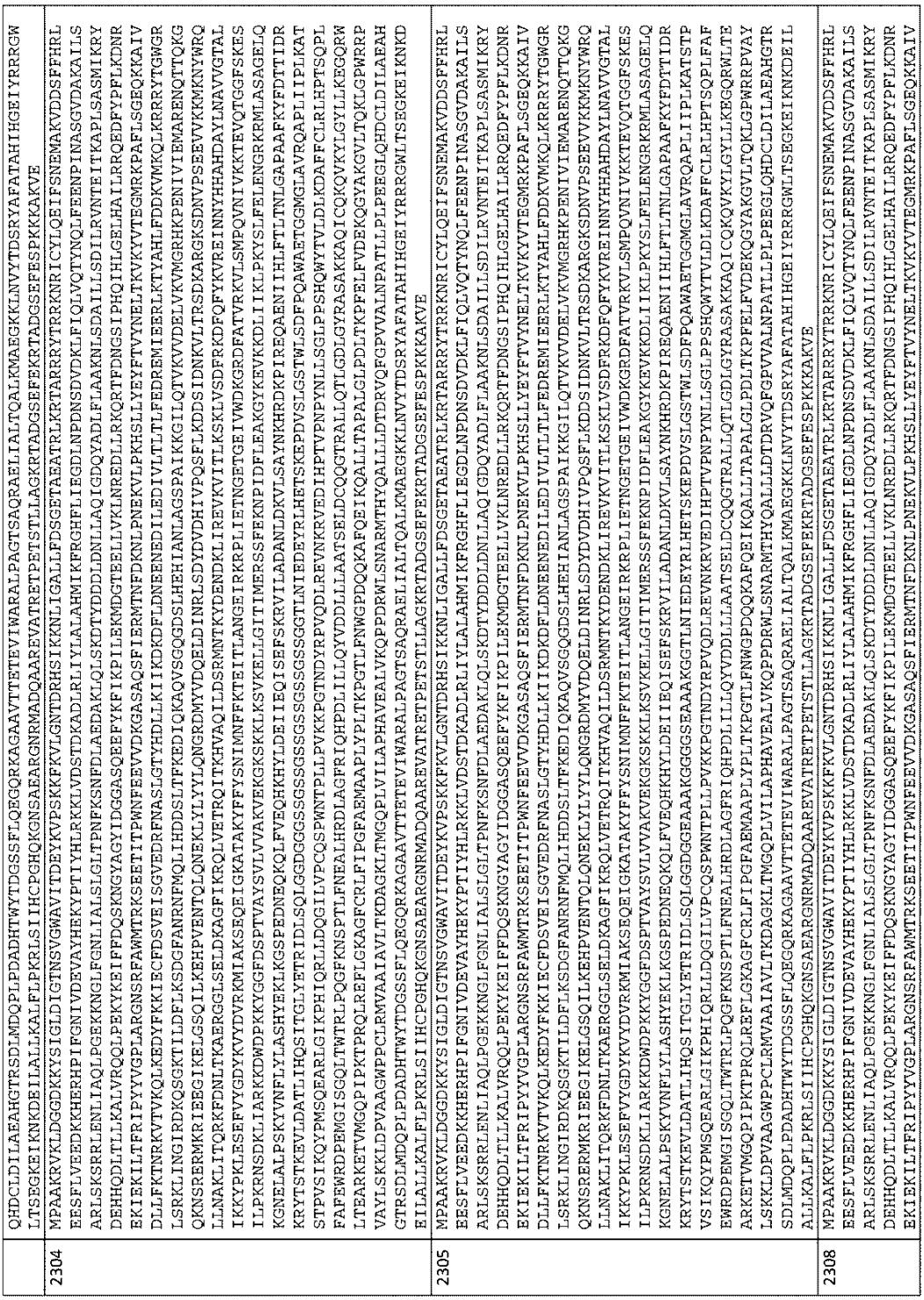
【表Ａ１－１６３】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2302 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2303 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |

【０７０６】

【表Ａ１－１６４】



| | |
|---|---|
| | QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2304 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSSGGSSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAH |
| | GTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2305 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2308 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７０７】

【表Ａ１－１６５】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSD<br>PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2309 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS<br>IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW<br>RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR<br>KETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS<br>KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSD<br>LMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL<br>LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2311 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７０８】

【表Ａ１－１６６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAE |
| | AHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2312 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2313 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSAGSAAGSGEFGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDL |
| | MDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

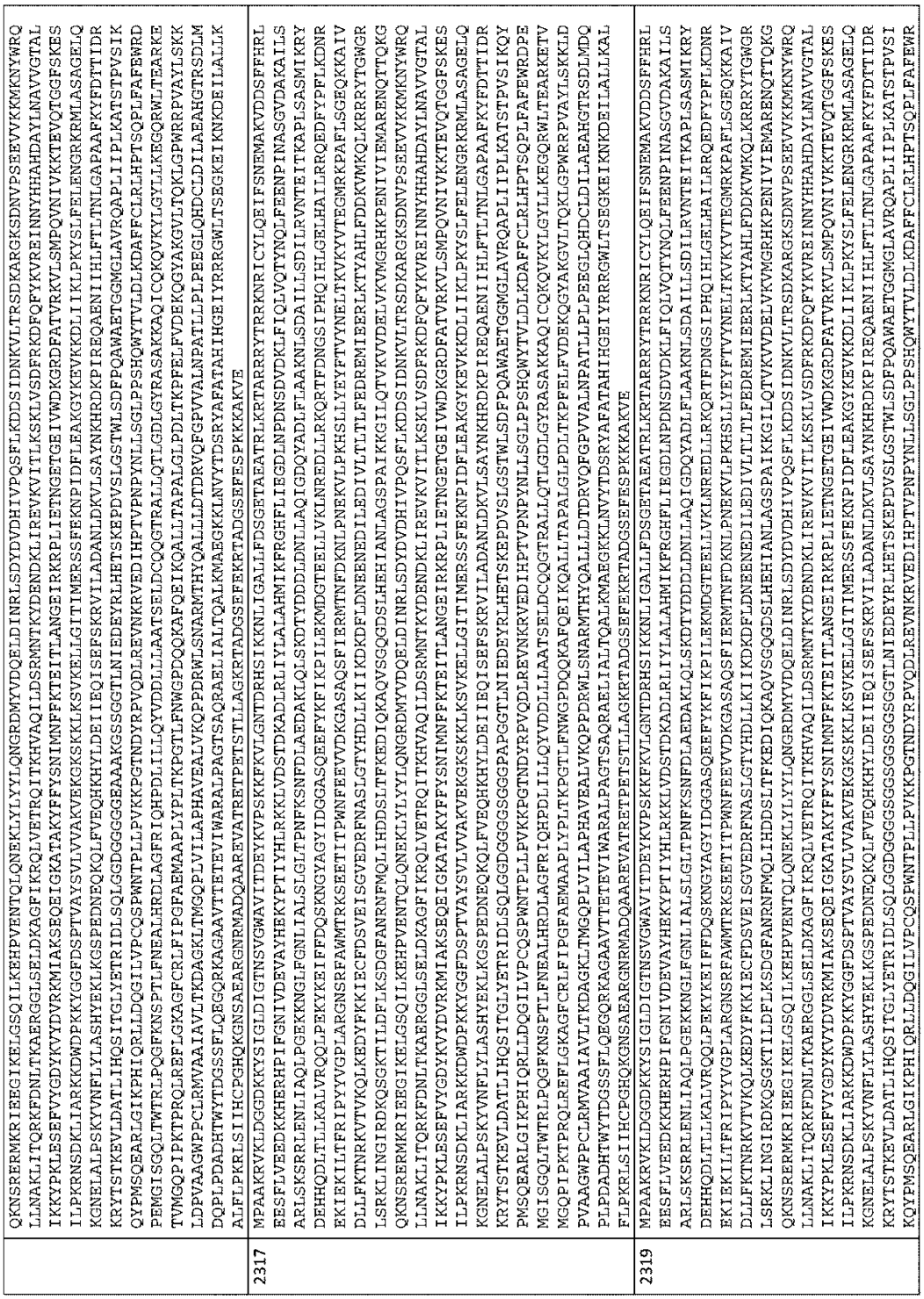
【０７０９】

【表Ａ１－１６７】

| | |
|---|---|
| 2314 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2315 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2316 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

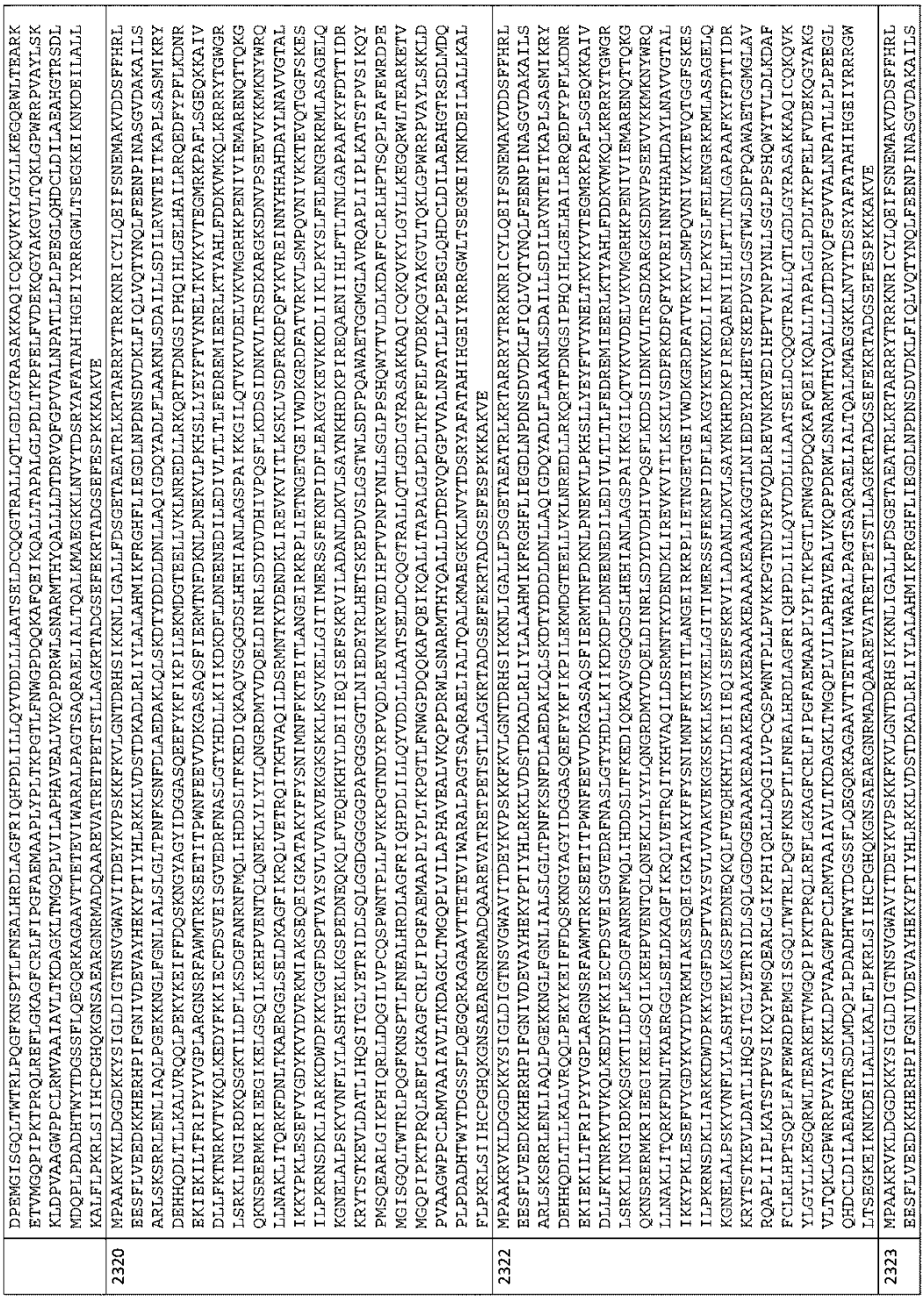
【０７１０】

【表Ａ１－１６８】



【０７１１】

【表Ａ１－１６９】



| | |
|---|---|
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDL |
| | MDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2320 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2322 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2323 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７１２】

【表Ａ１－１７０】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLKSTWLSDFRQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2324 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLKSTWLSDFRQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWITEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCL |
| | DILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARFVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2325 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

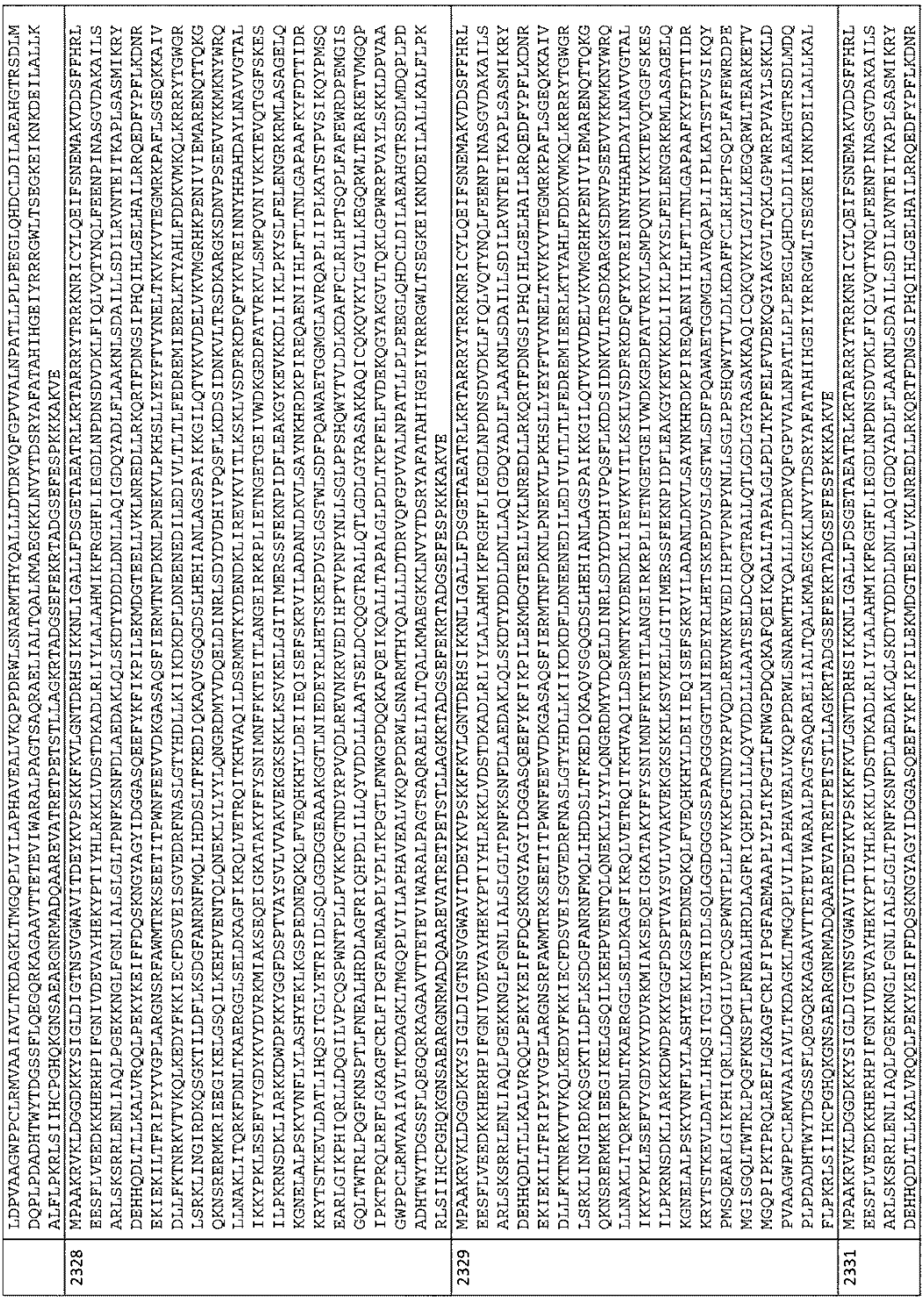
【０７１３】

【表Ａ１－１７１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAE |
| | AHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2326 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2327 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７１４】

【表Ａ１－１７２】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2328 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ<br>EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP<br>IPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA<br>GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPD<br>ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK<br>RLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2329 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2331 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７１５】

【表Ａ１－１７３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2332 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2333 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

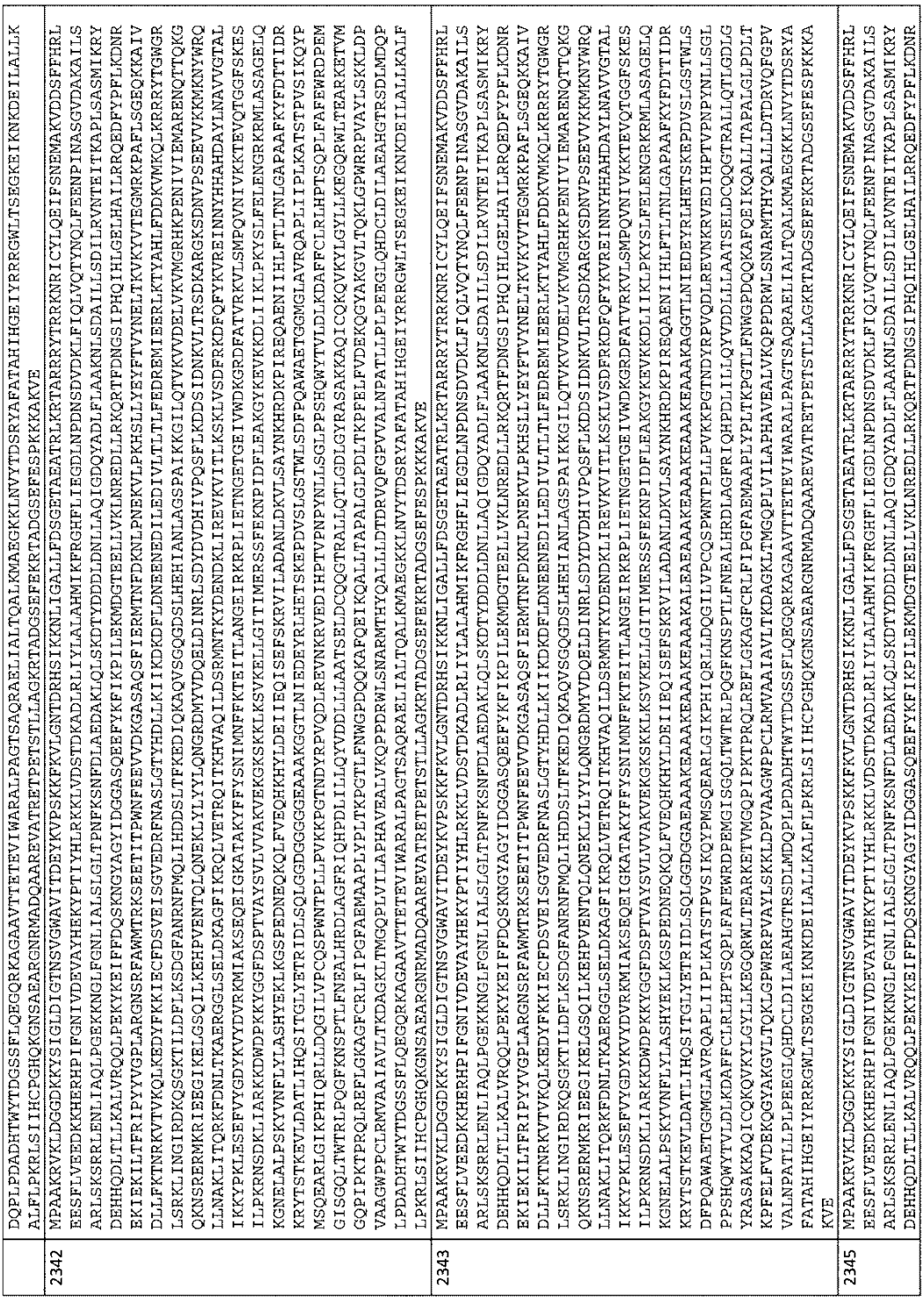
【０７１６】

【表Ａ１－１７４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2335 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2338 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |

【０７１７】

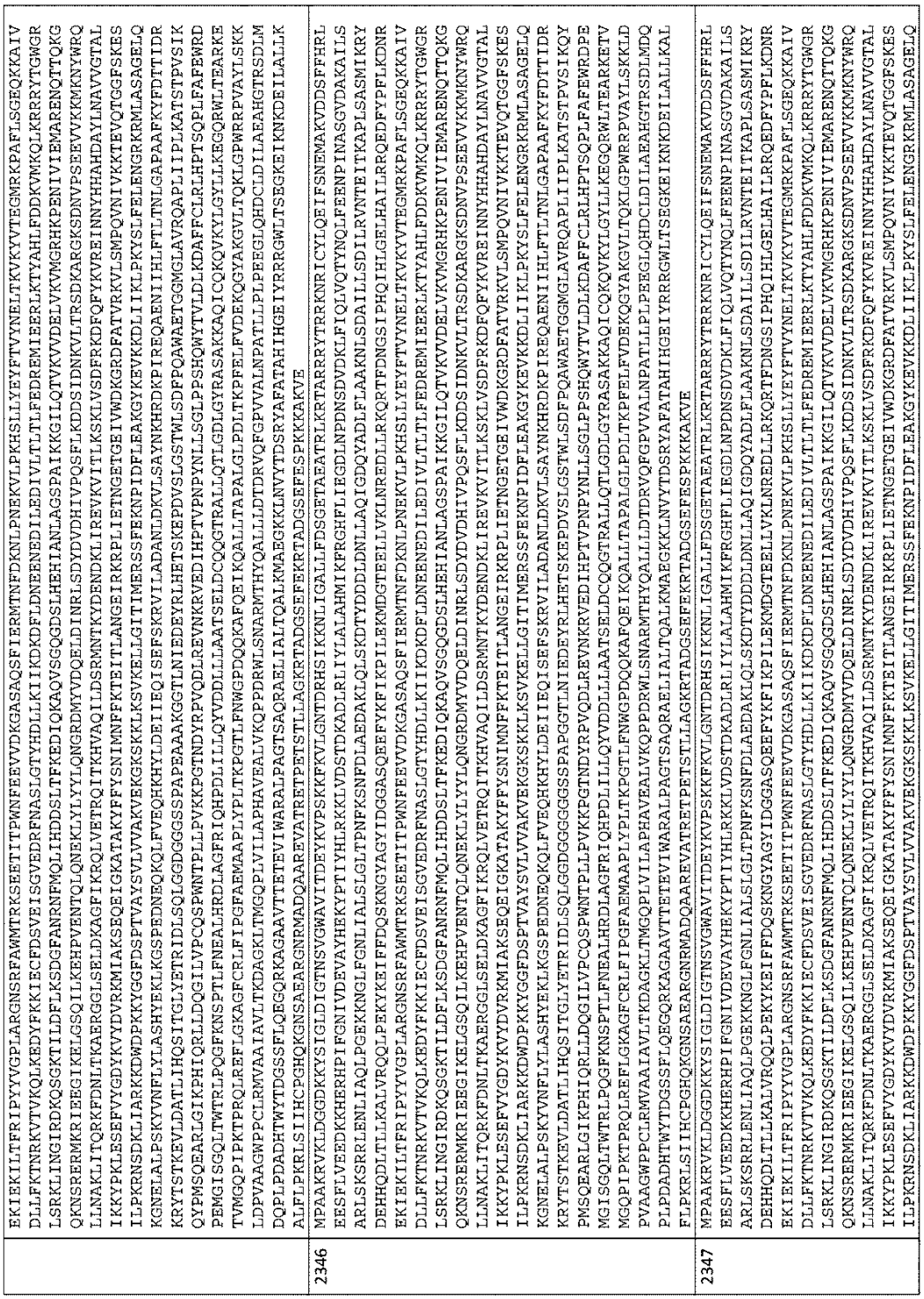
【表Ａ１－１７５】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2342 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2343 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |
| 2345 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７１８】

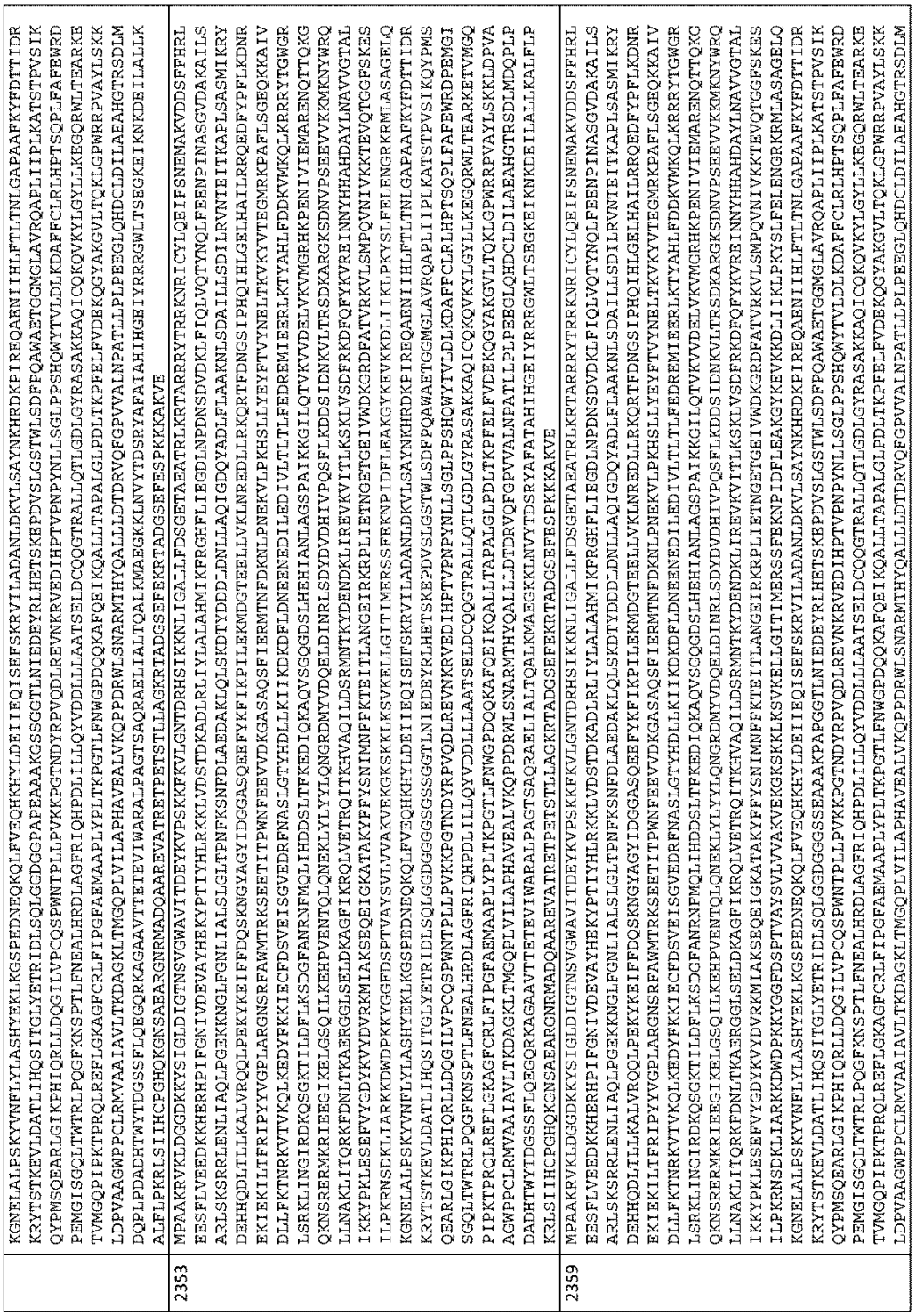
【表Ａ１－１７６】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMD |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2346 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2347 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７１９】

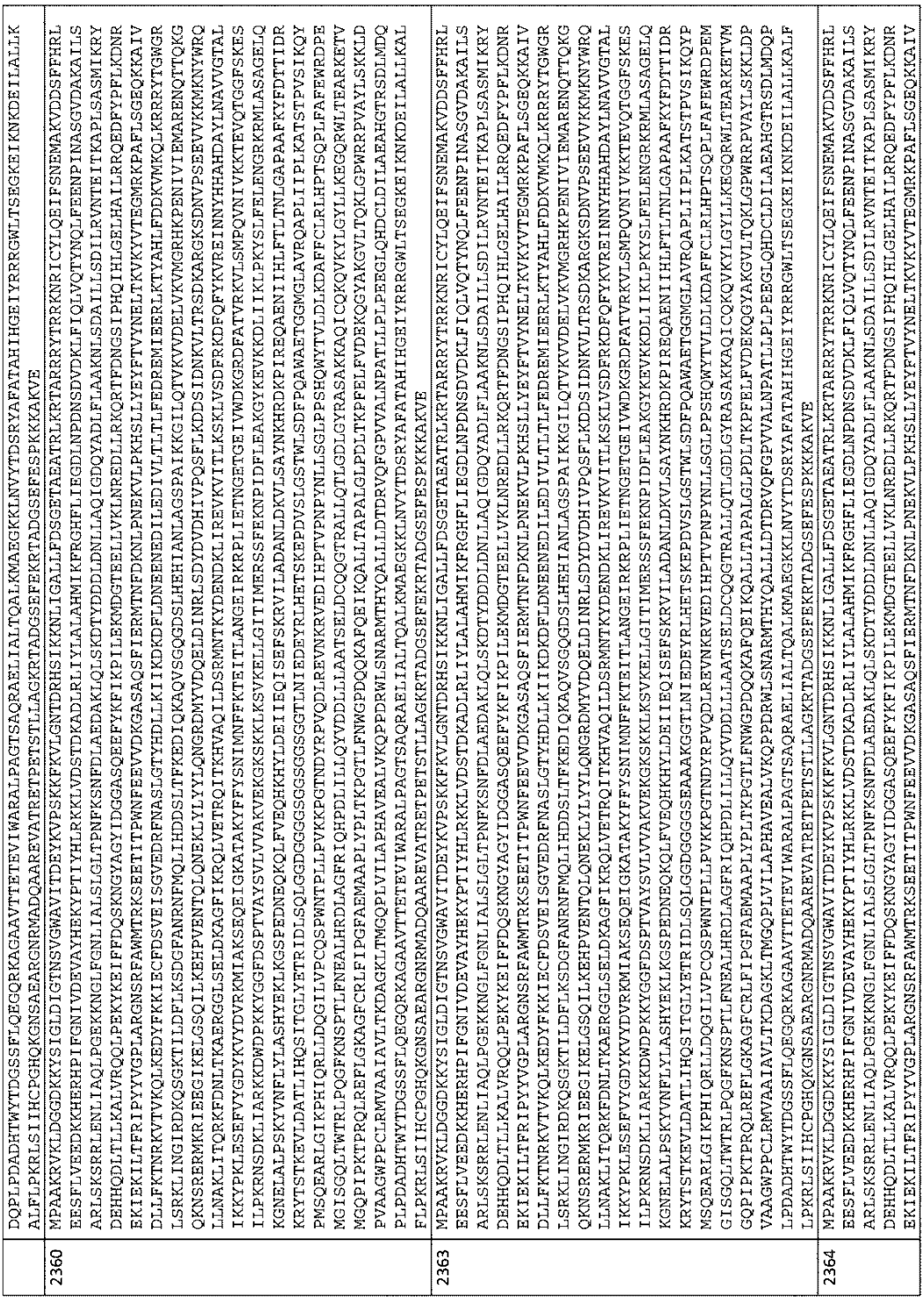
【表Ａ１－１７７】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2353 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2359 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |

【０７２０】

【表Ａ１－１７８】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2360 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQP |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2363 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2364 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

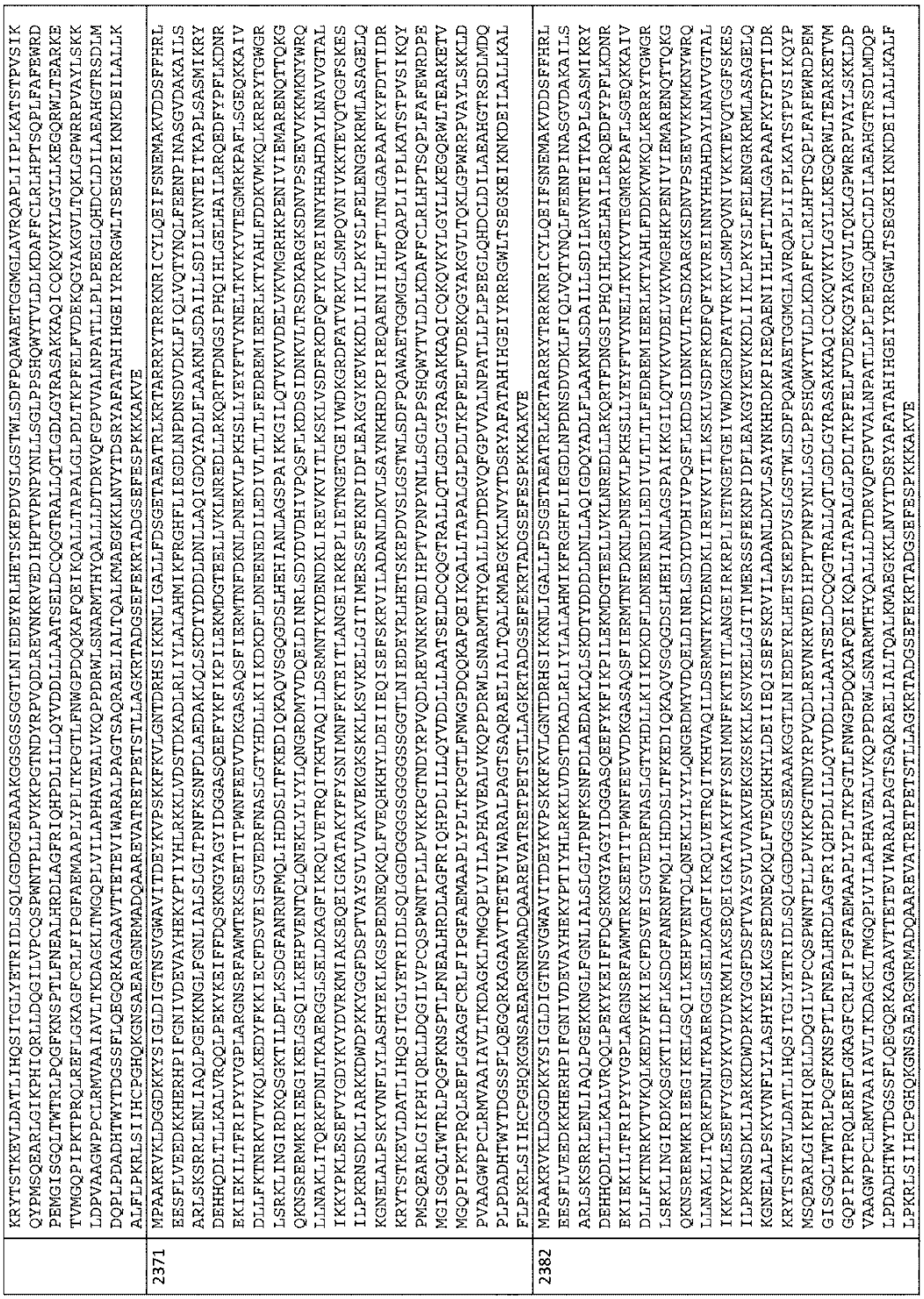
【０７２１】

【表Ａ１－１７９】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | IPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2365 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2370 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７２２】

【表Ａ１－１８０】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2371 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2382 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７２３】

【表Ａ１－１８１】

| | |
|---|---|
| 2395 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PIPKTPKQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP<br>DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2400 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2403 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

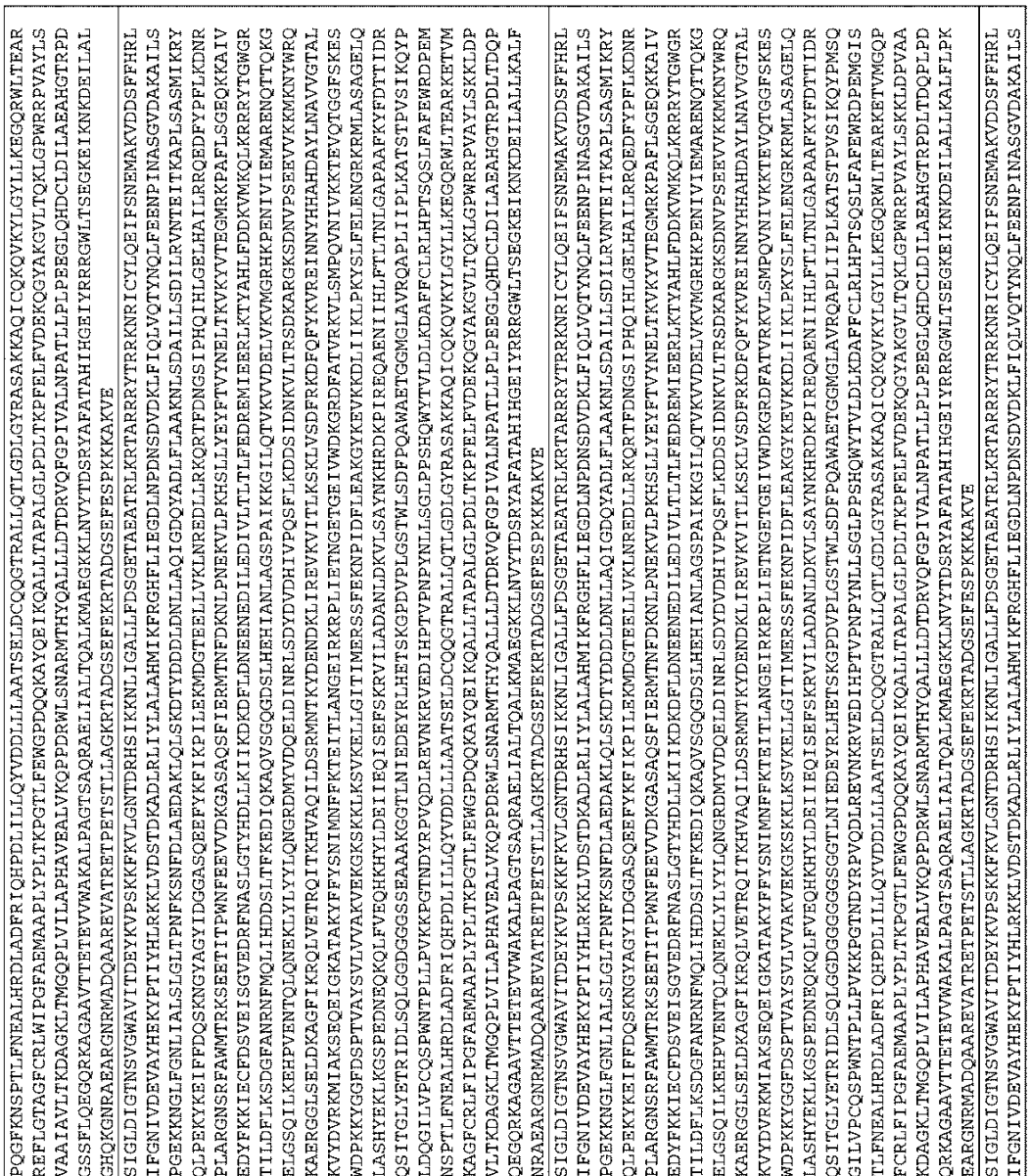
【０７２４】

【表Ａ１－１８２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE VATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2405 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALPLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE VATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2449 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEW |

【０７２５】

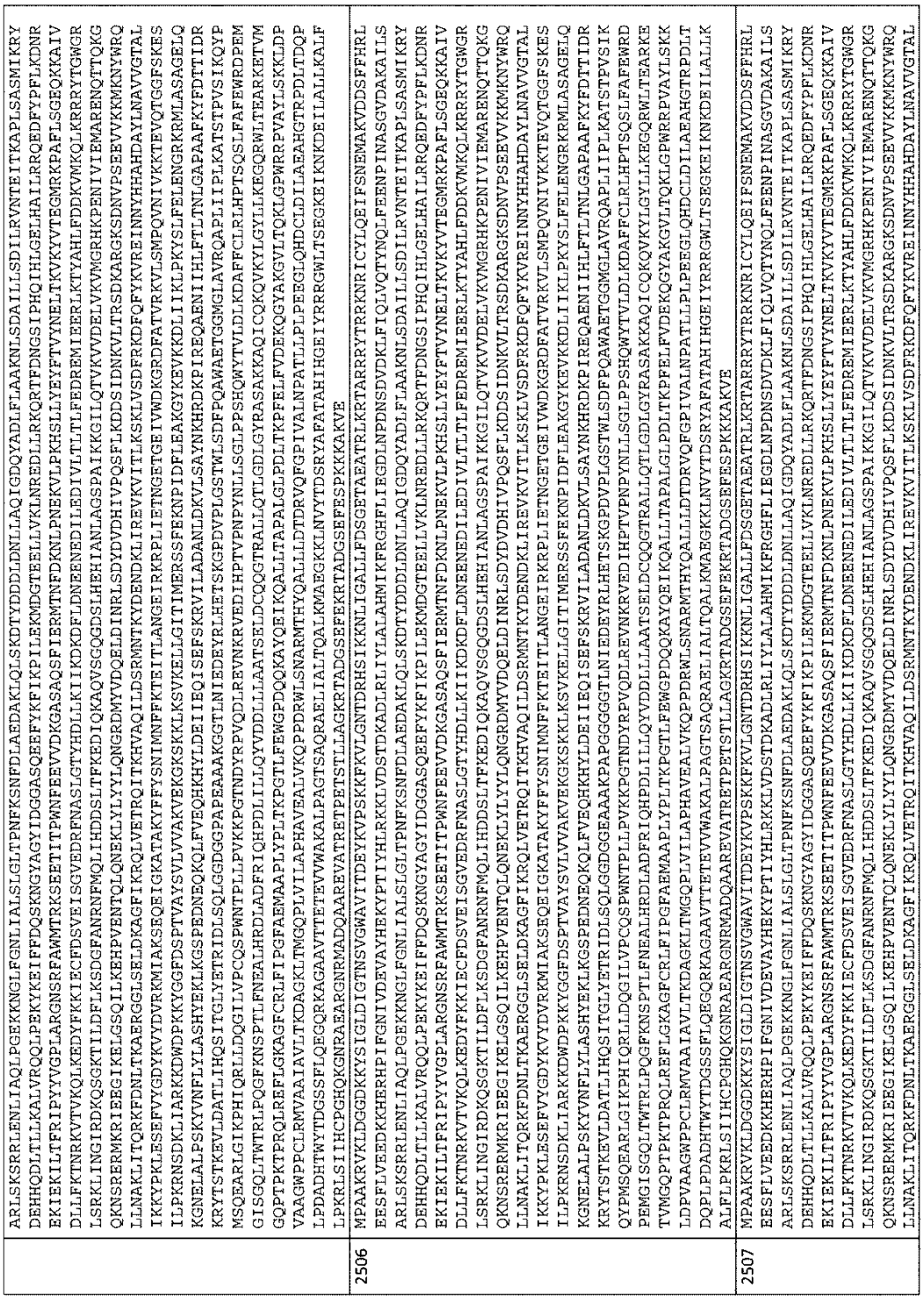
【表Ａ１－１８３】



| | |
|---|---|
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2503 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2504 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPWSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2505 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７２６】

【表Ａ１－１８４】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2506 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７２７】

【表Ａ１－１８５】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARE |
| 2508 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARE |
| 2510 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７２８】

【表Ａ１－１８６】

| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2511 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ<br>YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDP<br>EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET<br>VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTD<br>QPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2512 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2513 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

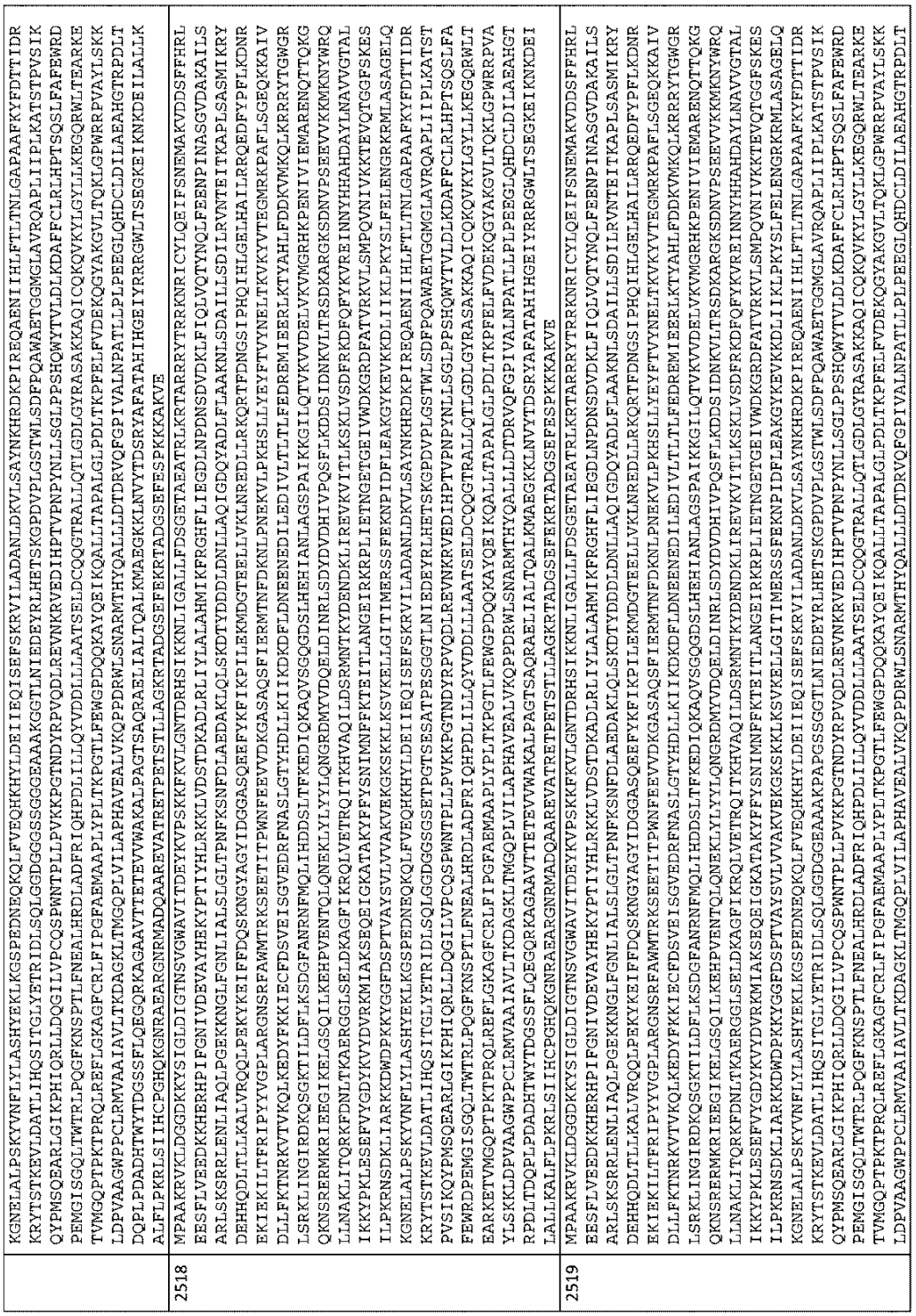
【０７２９】

【表Ａ１－１８７】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKTVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAH |
| | GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARE |
| 2514 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| 2515 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７３０】

【表Ａ１－１８８】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2518 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST<br>PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFA<br>FEWRDPPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT<br>EARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGT<br>RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI<br>LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2519 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLT |

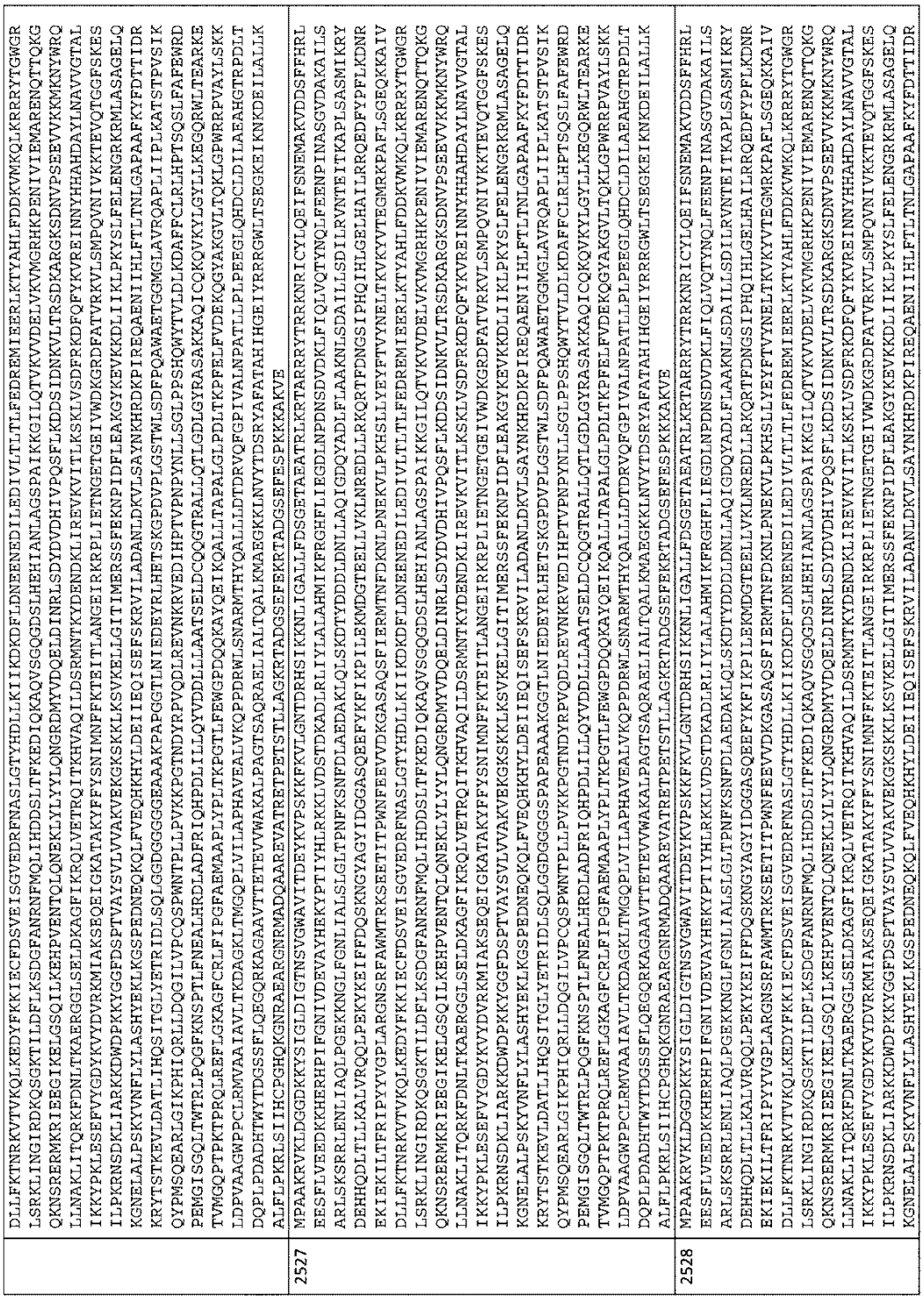
【０７３１】

【表Ａ１－１８９】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2521 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGTTNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2525 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARKVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2526 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７３２】

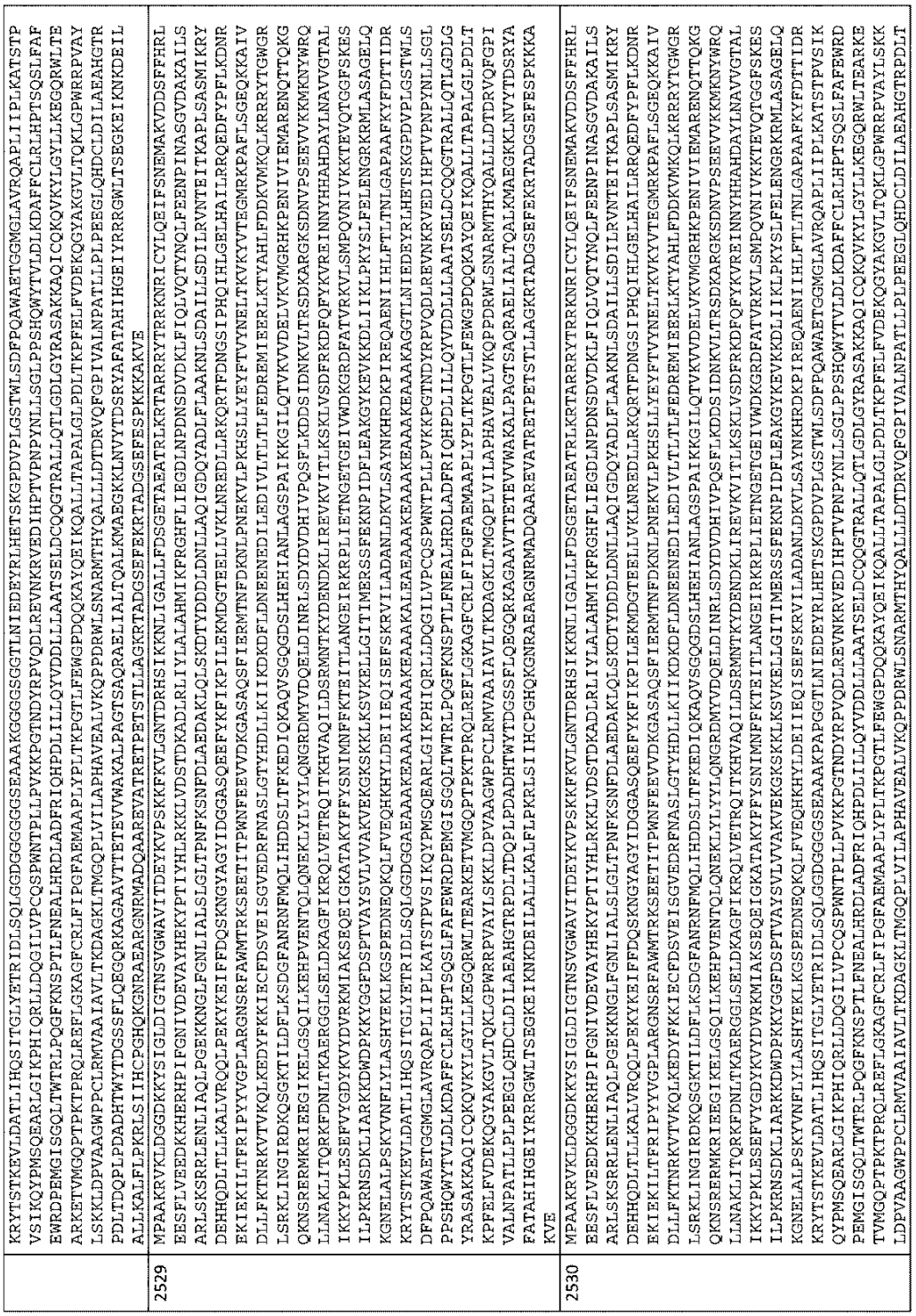
【表Ａ１－１９０】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2527 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2528 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７３３】

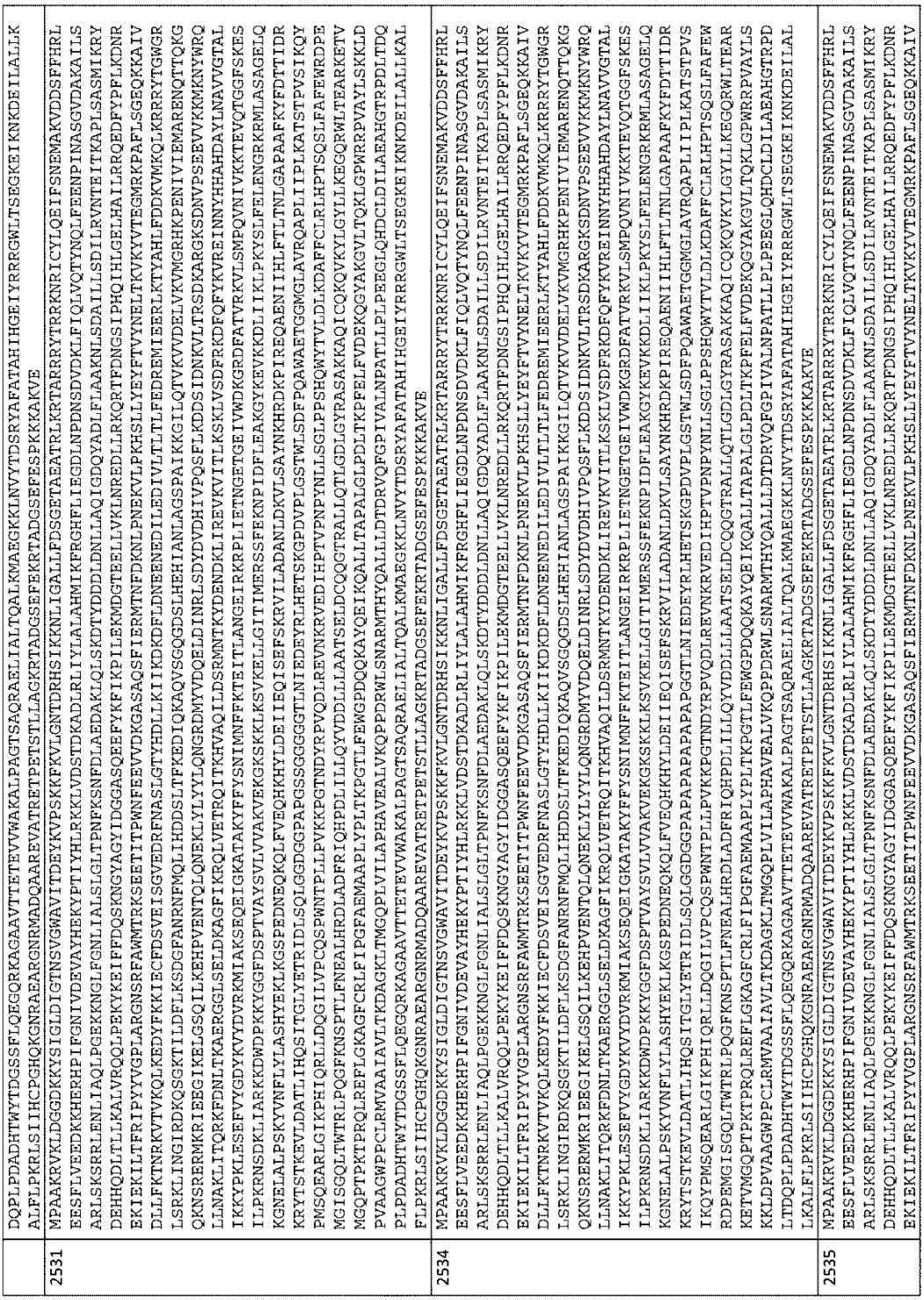
【表Ａ１－１９１】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARRVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2529 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLS<br>DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL<br>PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLG<br>YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT<br>KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPI<br>VALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA<br>FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARRVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA<br>KVE |
| 2530 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |

【０７３４】

【表Ａ１－１９２】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2531 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGGGTGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPD |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2534 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2535 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

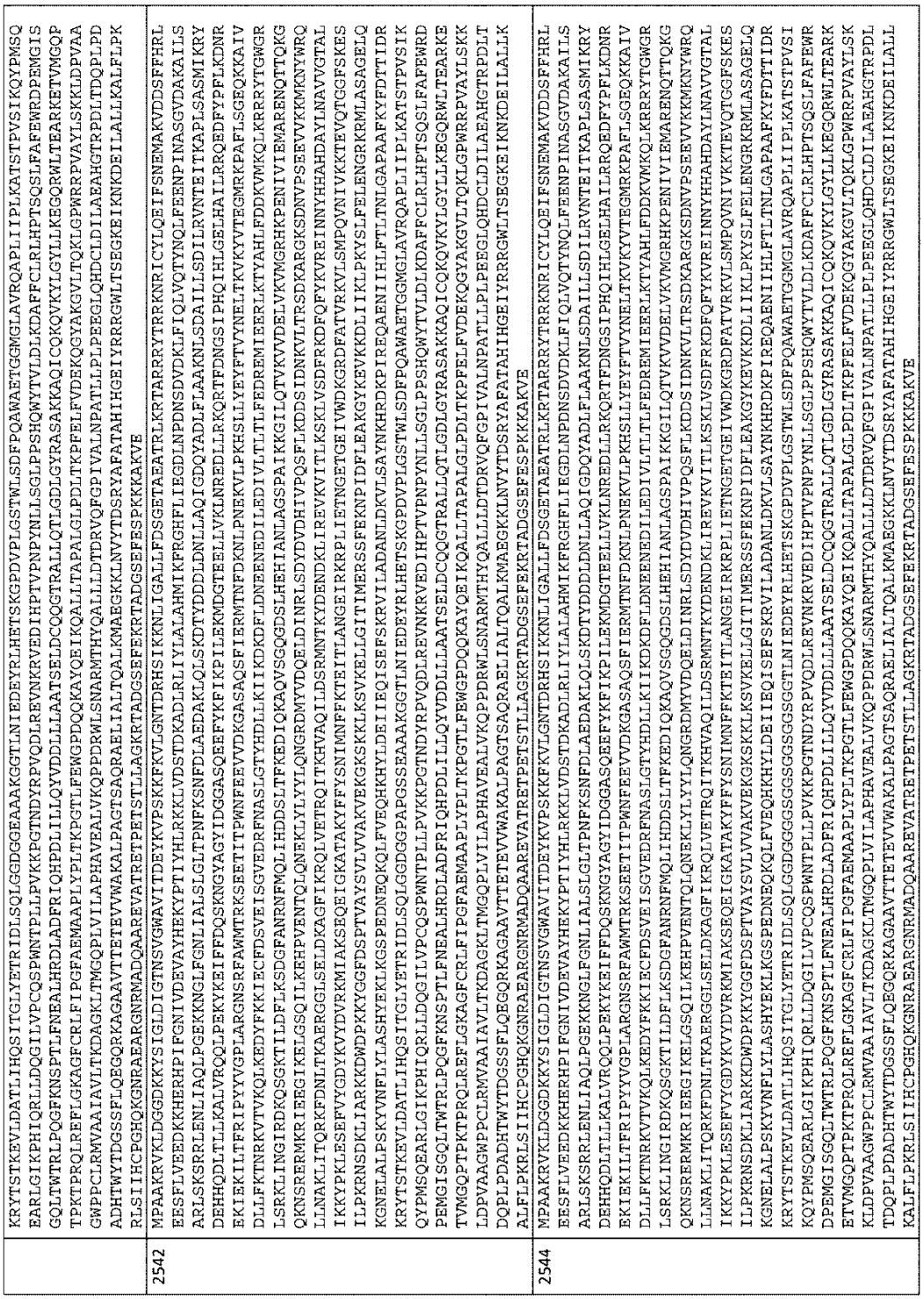
【０７３５】

【表Ａ１－１９３】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLL |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2536 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARFVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2539 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７３６】

【表Ａ１－１９４】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2542 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2544 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

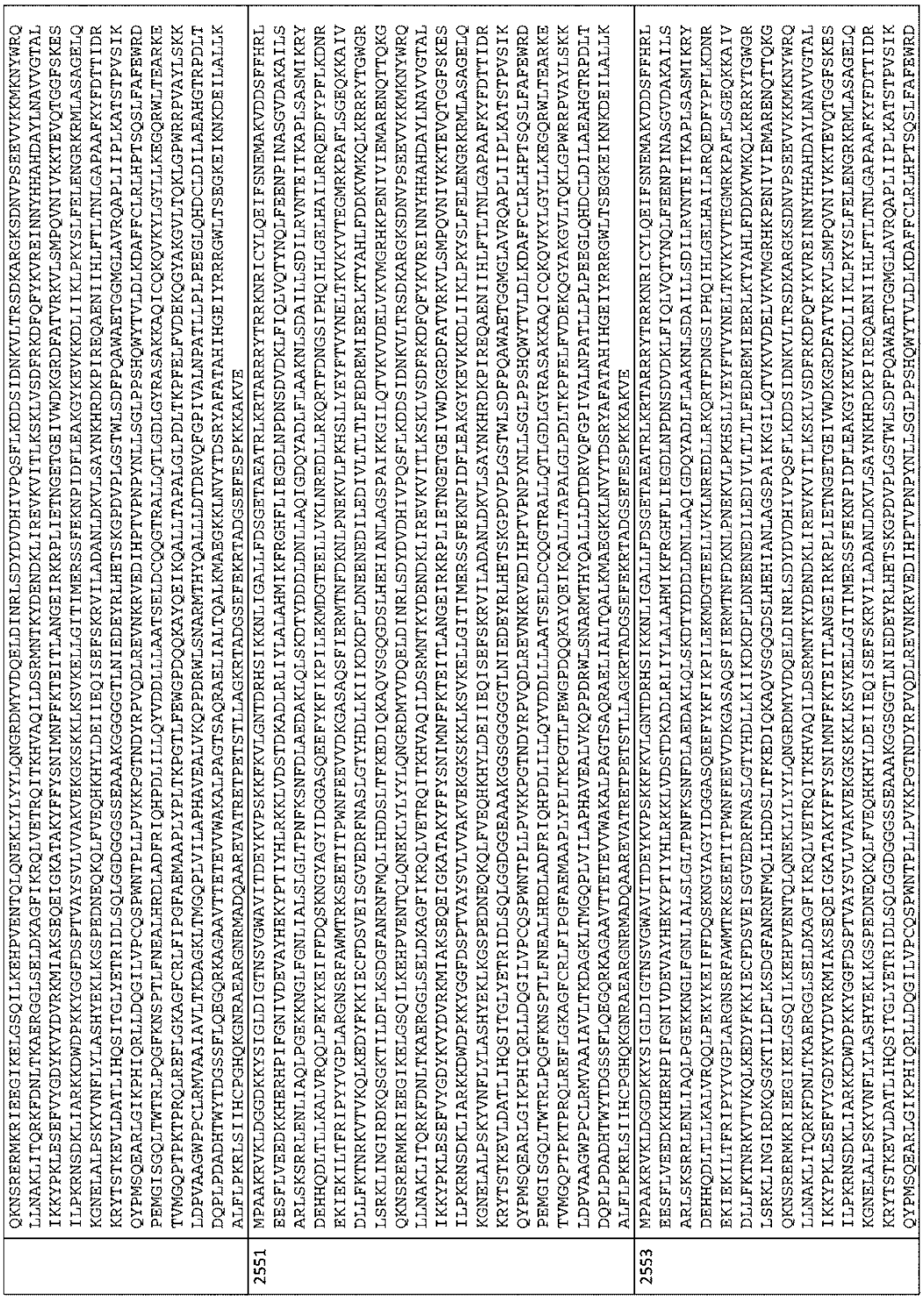
【０７３７】

【表Ａ１－１９５】

| | |
|---|---|
| 2547 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP<br>DADHTWTVTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARRVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2548 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWTVTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARRVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2550 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７３８】

【表Ａ１－１９６】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2551 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2553 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |

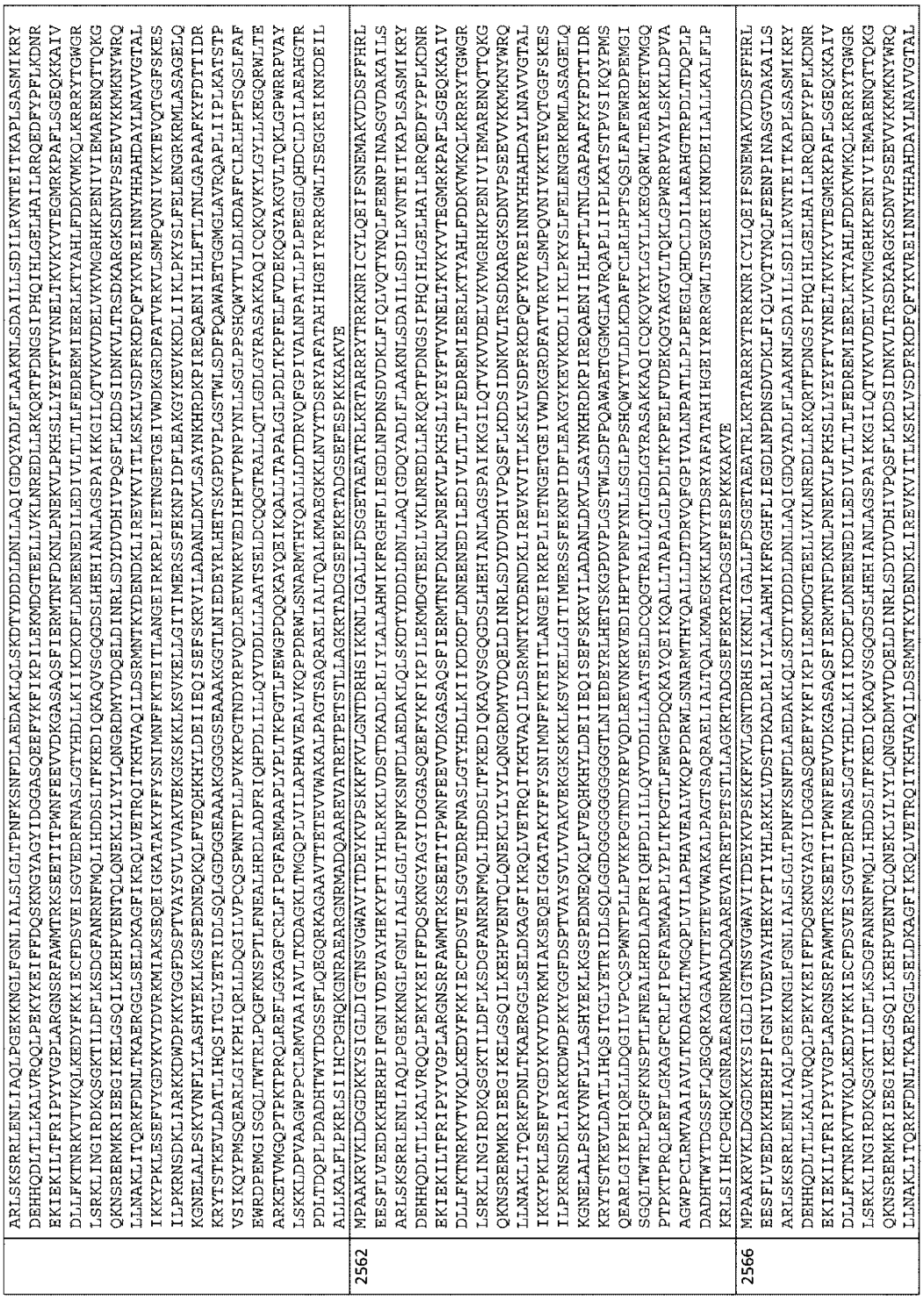
【０７３９】

【表Ａ１－１９７】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2556 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2561 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７４０】

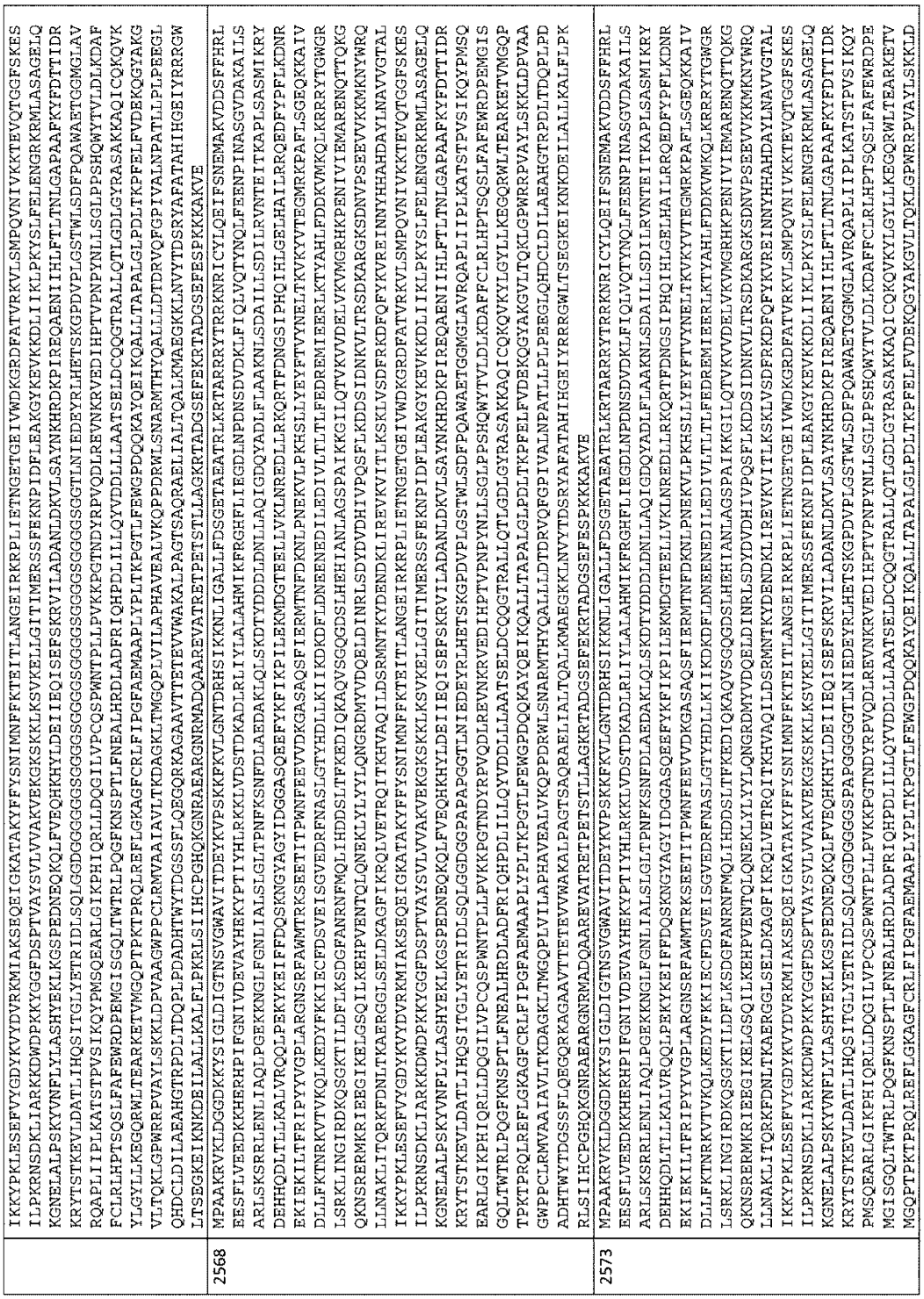
【表Ａ１－１９８】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARSVATRETPTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2562 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７４１】

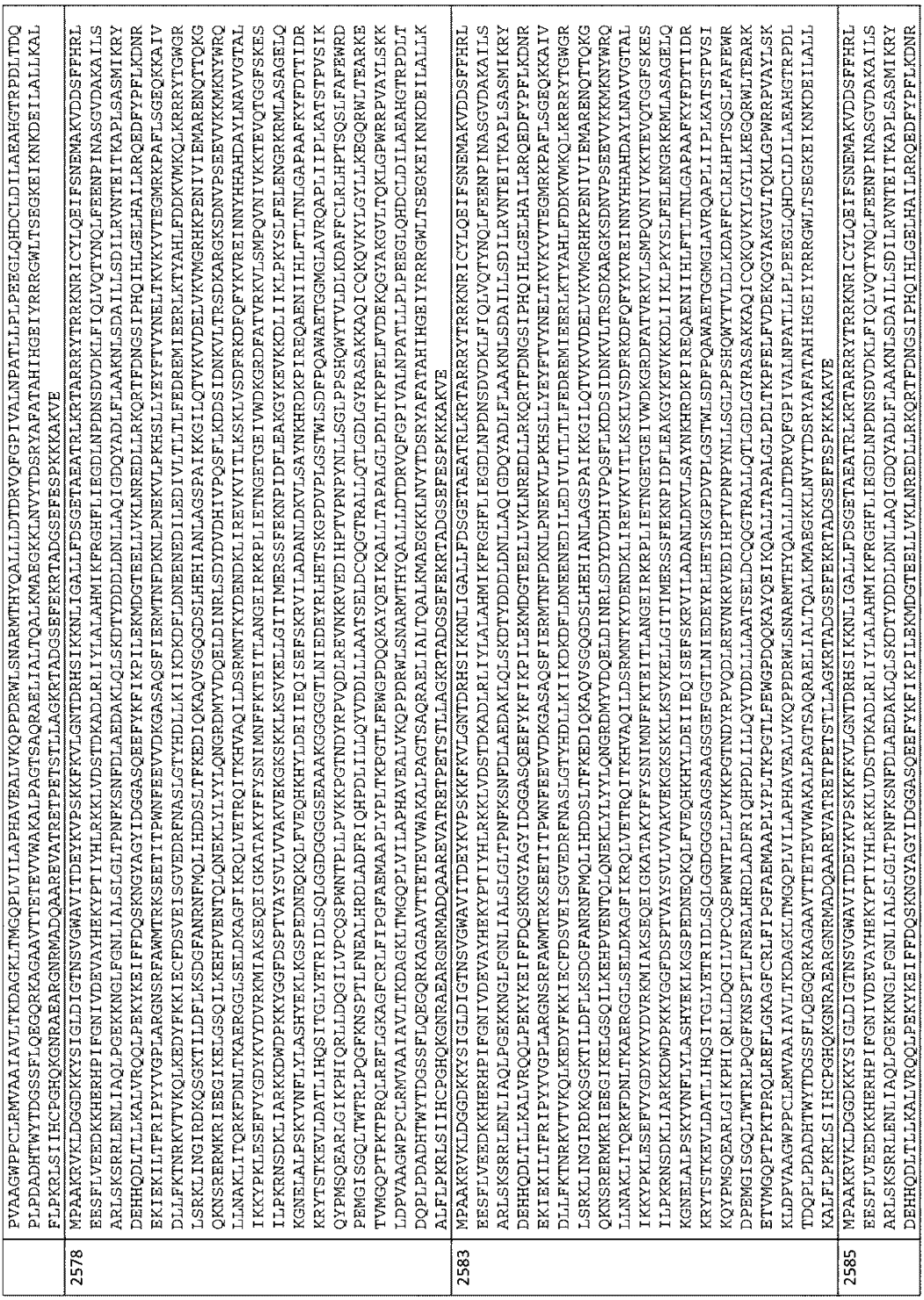
【表Ａ１－１９９】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2568 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPAPGGTGTNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRVAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2573 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０７４２】

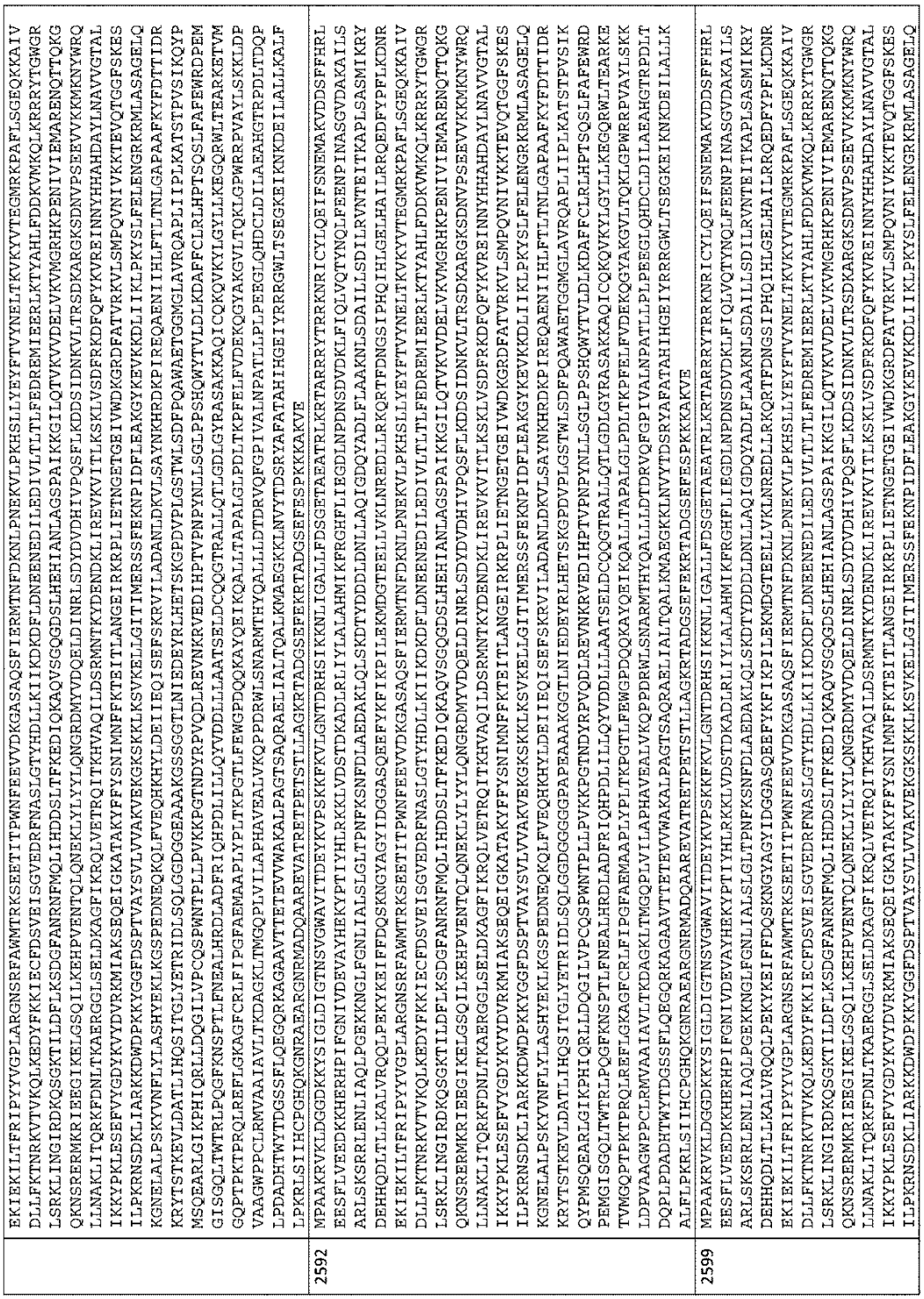
【表Ａ１－２００】



| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2578 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2583 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2585 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７４３】

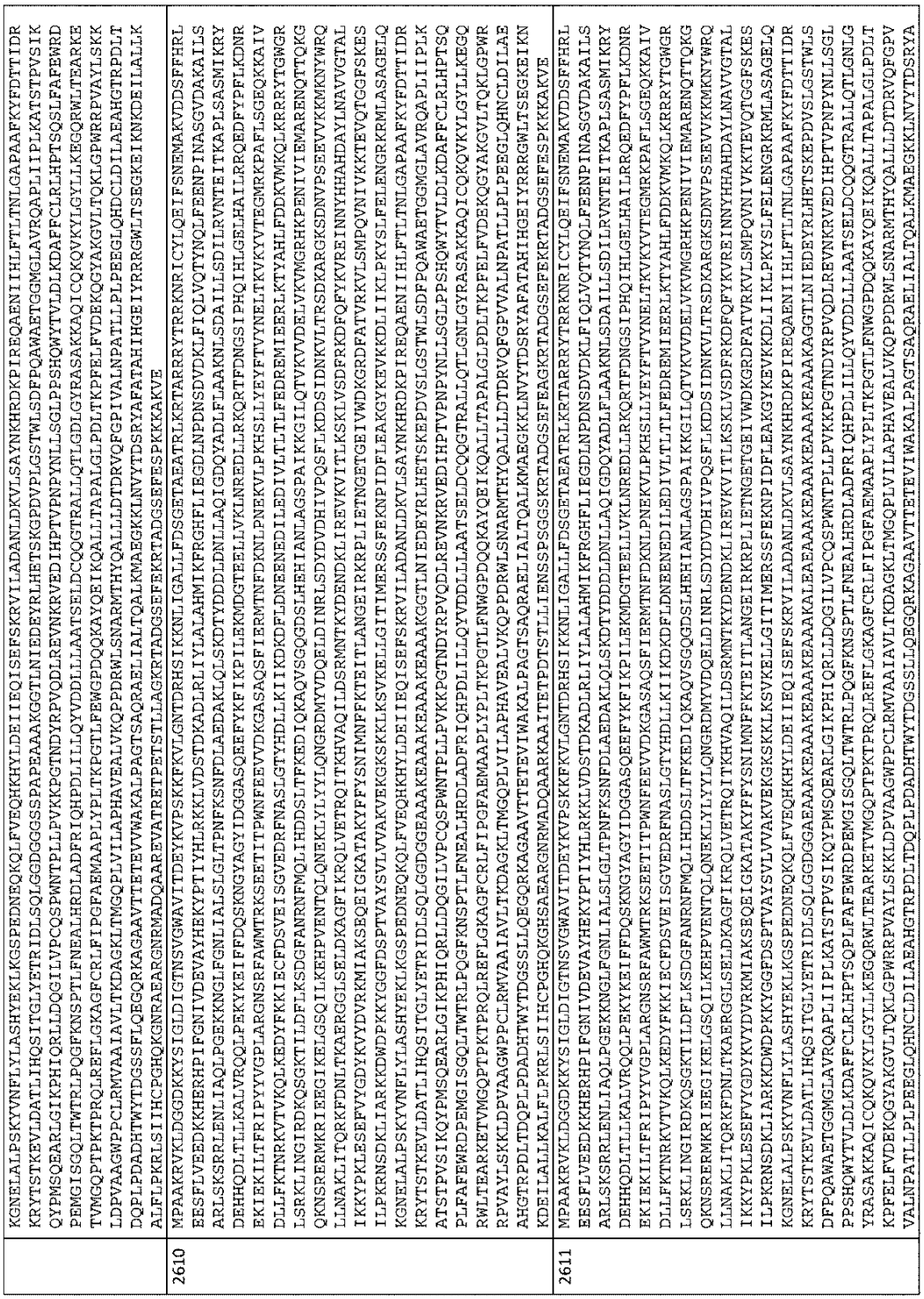
【表Ａ１－２０１】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2592 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| 2599 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７４４】

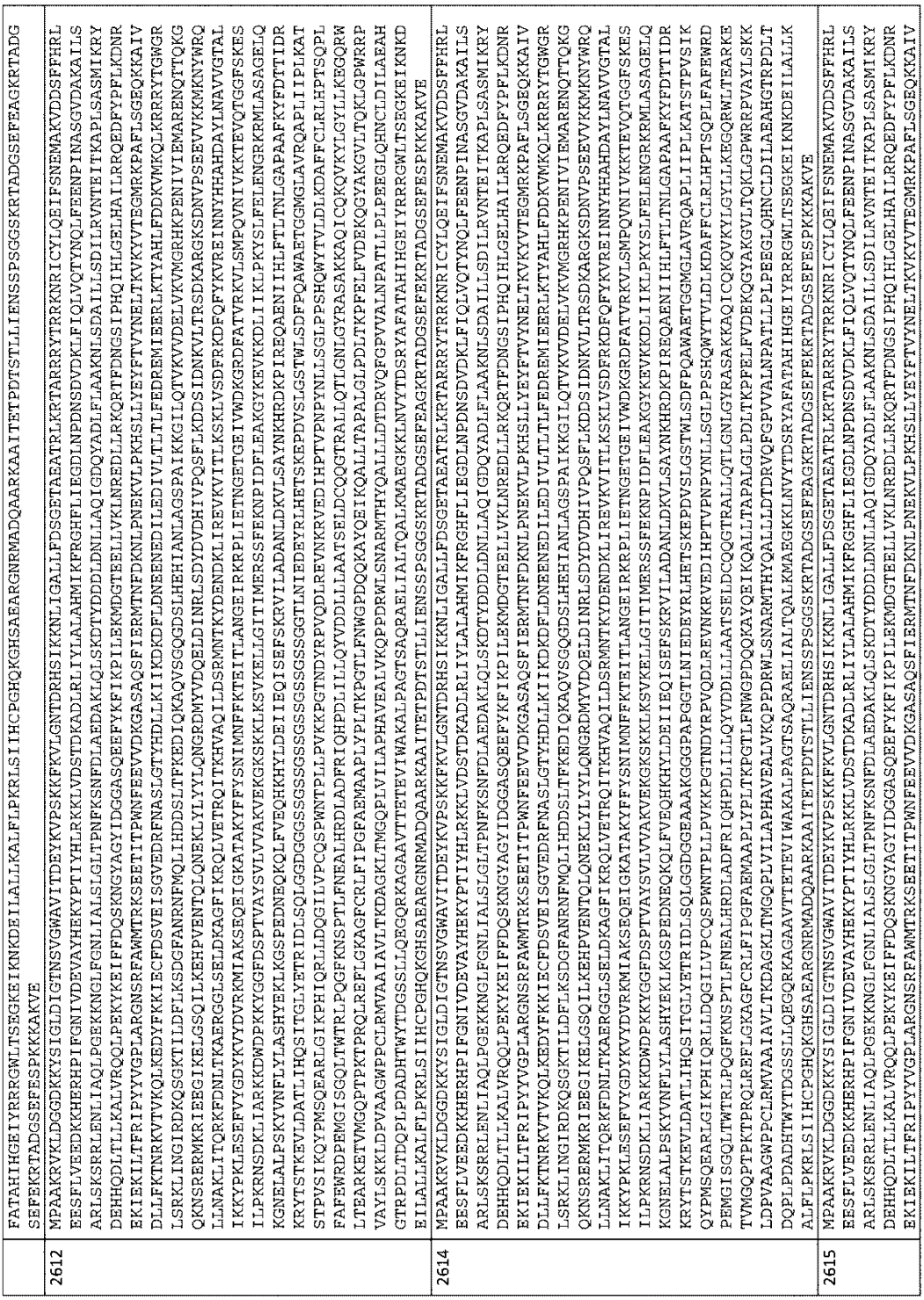
【表Ａ１－２０２】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2610 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2611 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDEWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |

【０７４５】

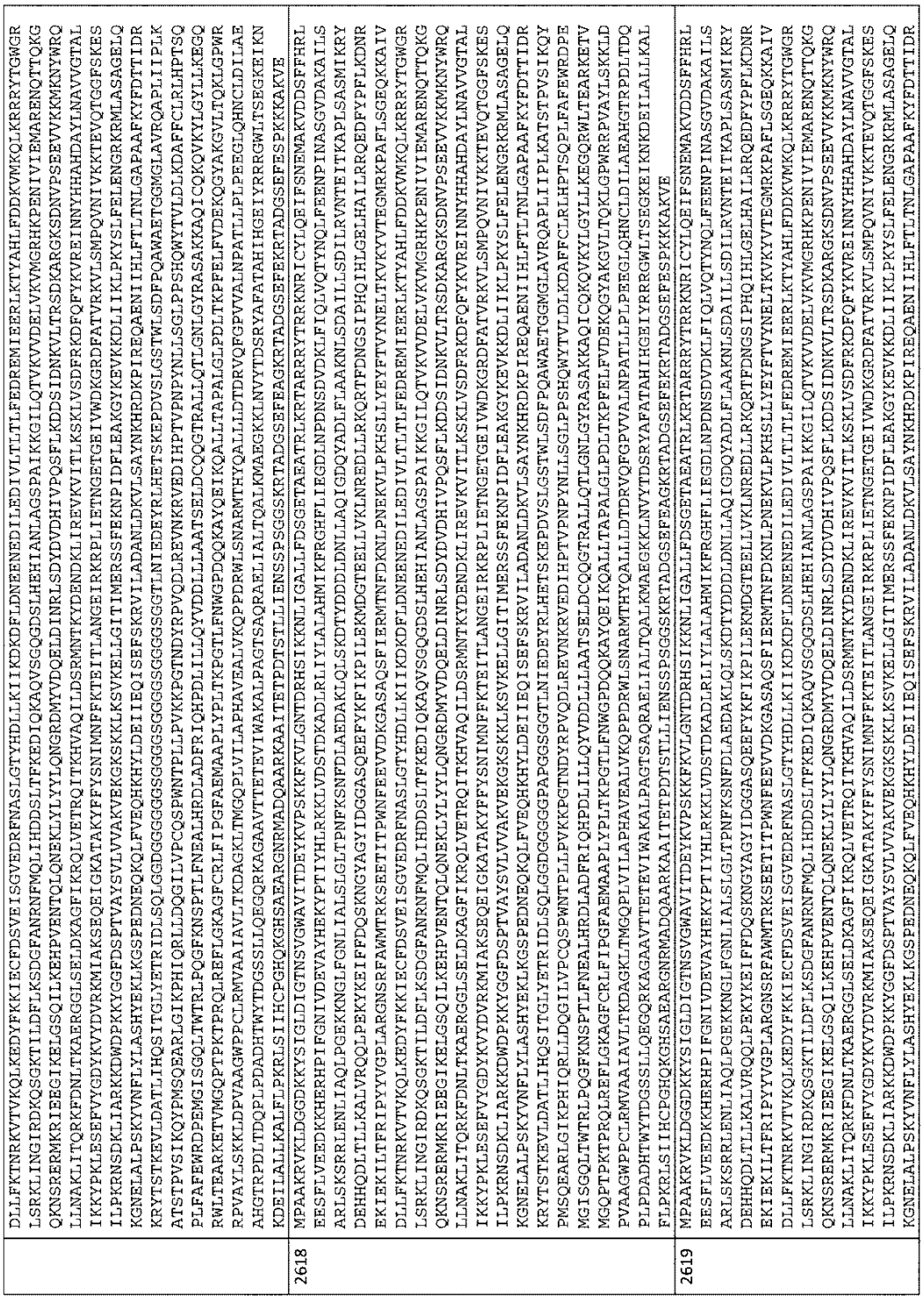
【表Ａ１－２０３】



| | |
|---|---|
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADG<br>SEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2612 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGSSGSSGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT<br>STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL<br>FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW<br>LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP<br>VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH<br>GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD<br>EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2614 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2615 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７４６】

【表Ａ１－２０４】



【０７４７】

【表Ａ１－２０５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2620 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2622 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７４８】

【表Ａ１－２０６】

| | |
|---|---|
| 2622 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2623 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2624 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７４９】

【表Ａ１－２０７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2624 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2627 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |

【０７５０】

10

20

30

40

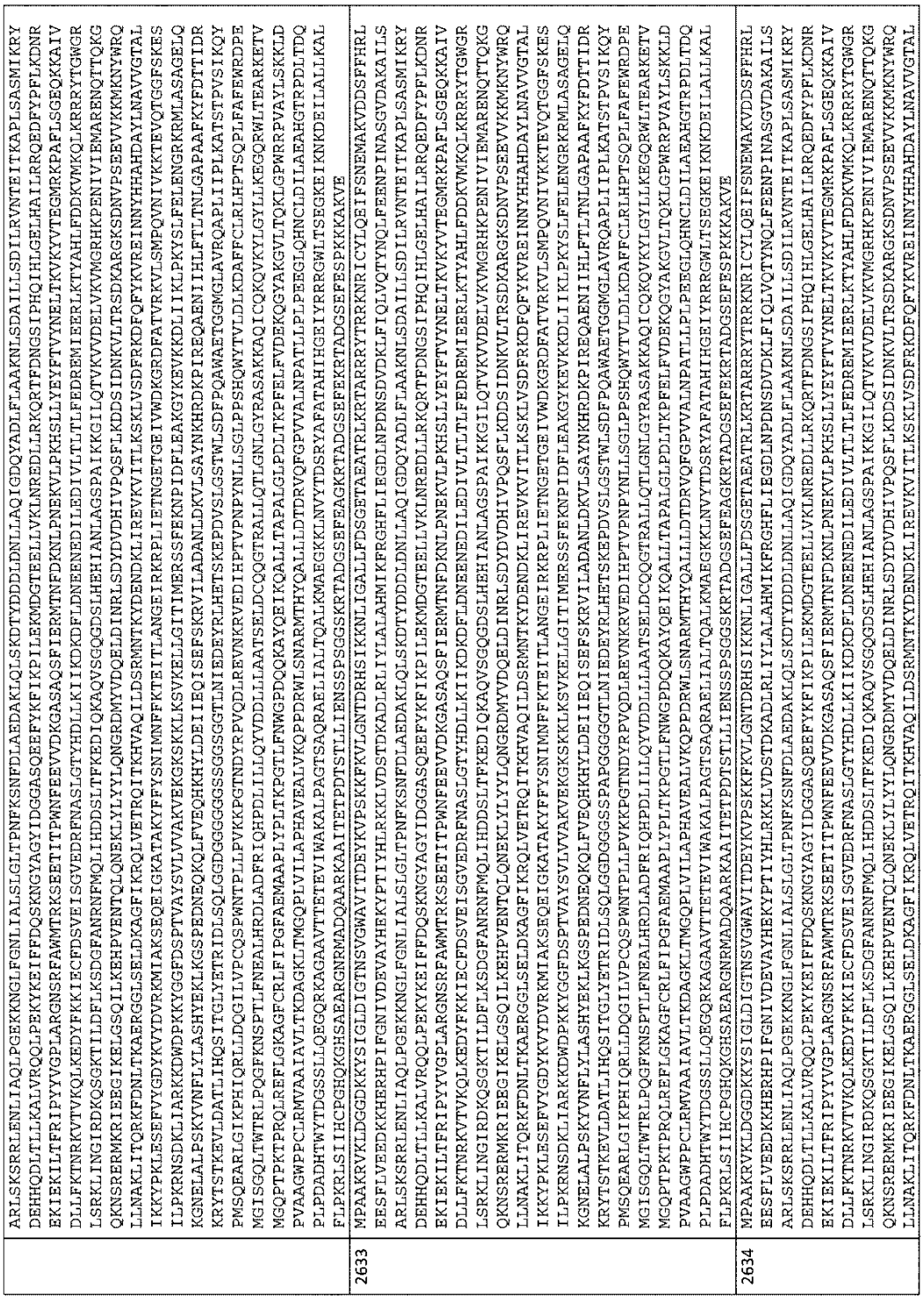
50

【表Ａ１－２０８】

| | |
|---|---|
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2629 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2631 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2632 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７５１】

【表Ａ１－２０９】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2633 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| 2634 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

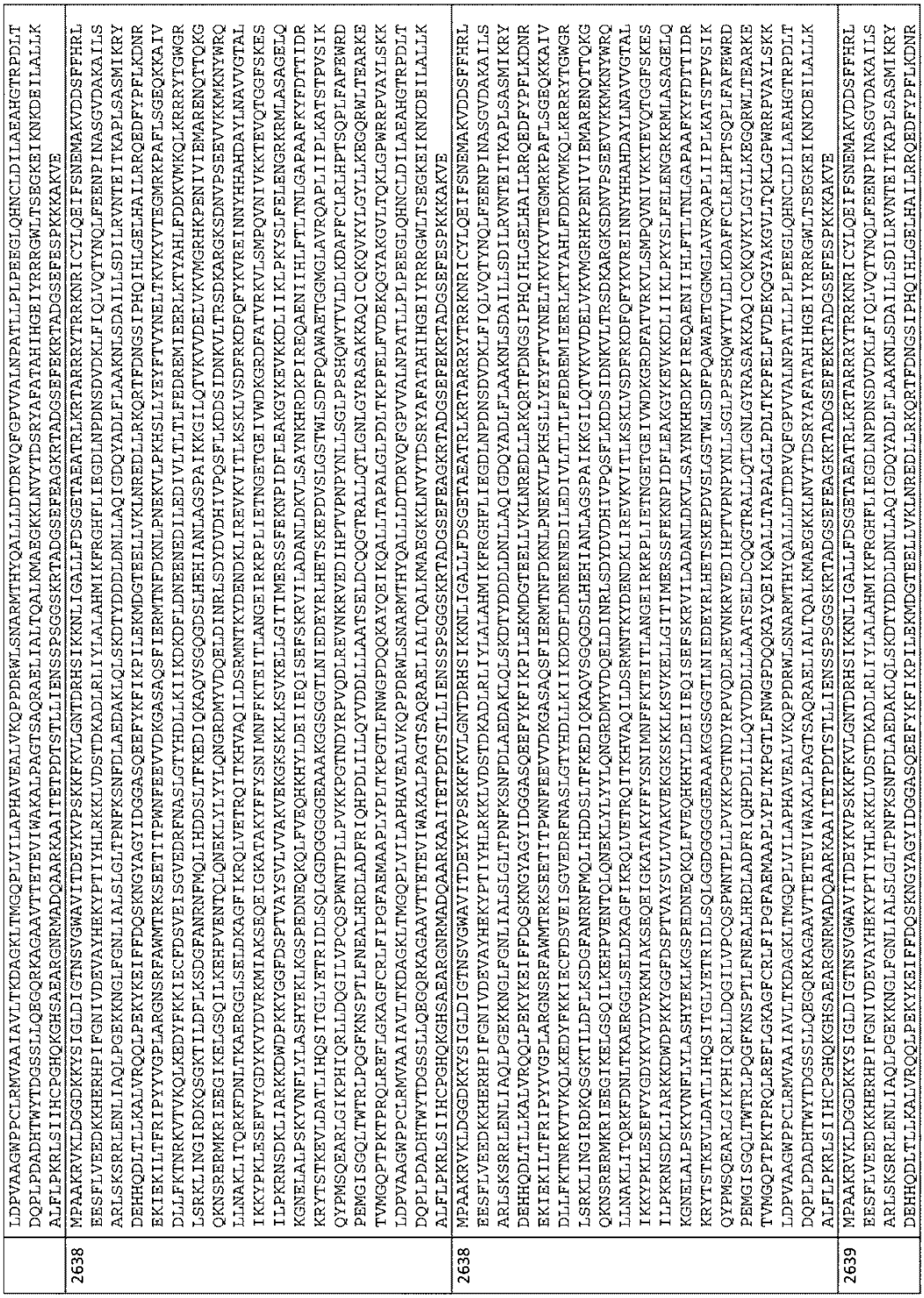
【０７５２】

【表Ａ１－２１０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2636 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALPLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2637 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７５３】

【表Ａ１－２１１】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2638 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2638 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2639 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７５４】

【表Ａ１－２１２】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2639 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2641 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

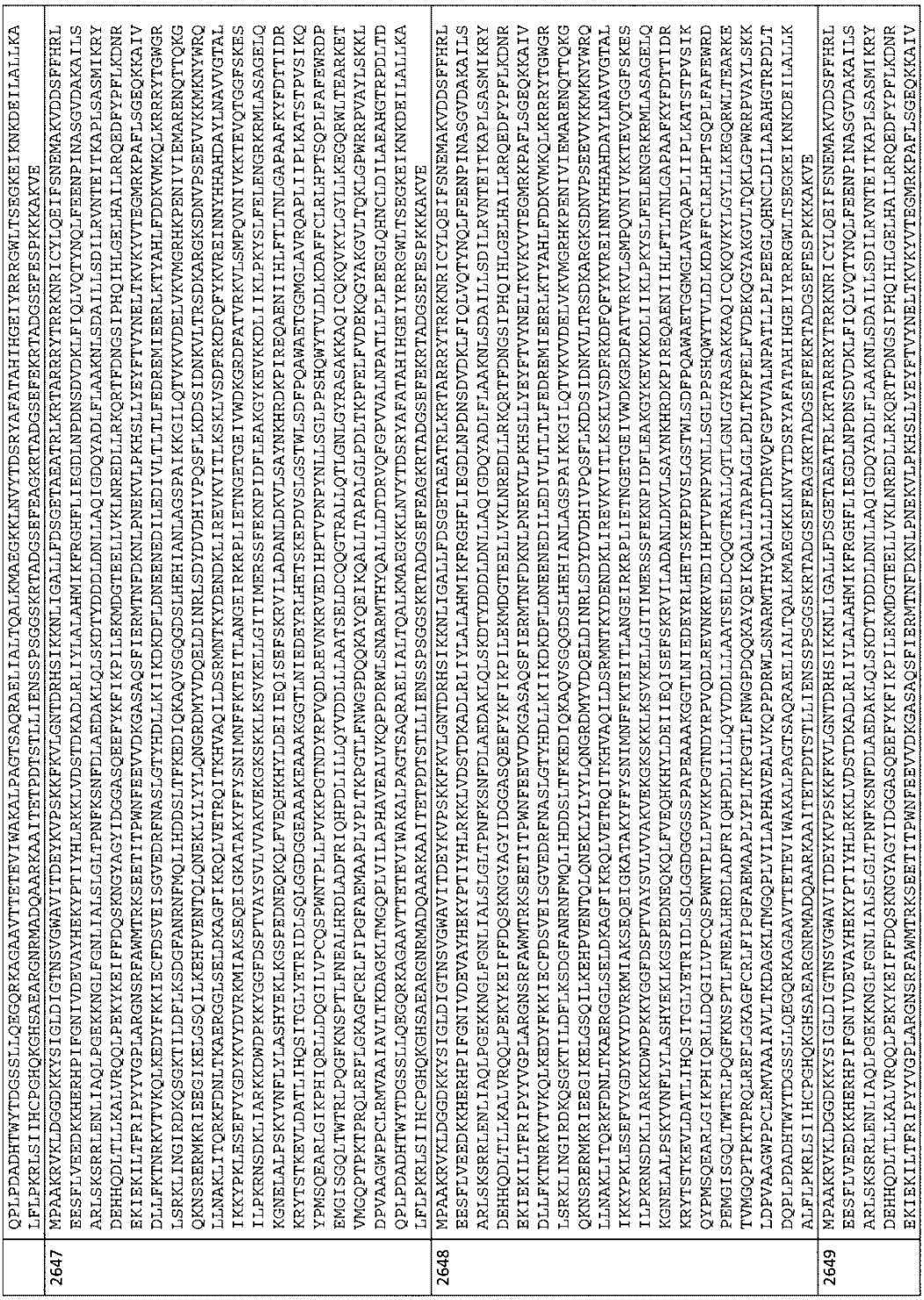
【０７５５】

【表Ａ１－２１３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2644 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESP |
| | KKKAKVE |
| 2647 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |

【０７５６】

【表Ａ１－２１４】



| | |
|---|---|
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2647 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2648 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2649 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７５７】

【表Ａ１－２１５】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2649 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2651 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７５８】

【表Ａ１－２１６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2653 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2654 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７５９】

【表Ａ１－２１７】

| | |
|---|---|
| 2655 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA<br>RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ<br>LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP<br>KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW<br>PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQAD<br>HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL<br>SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2656 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2657 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

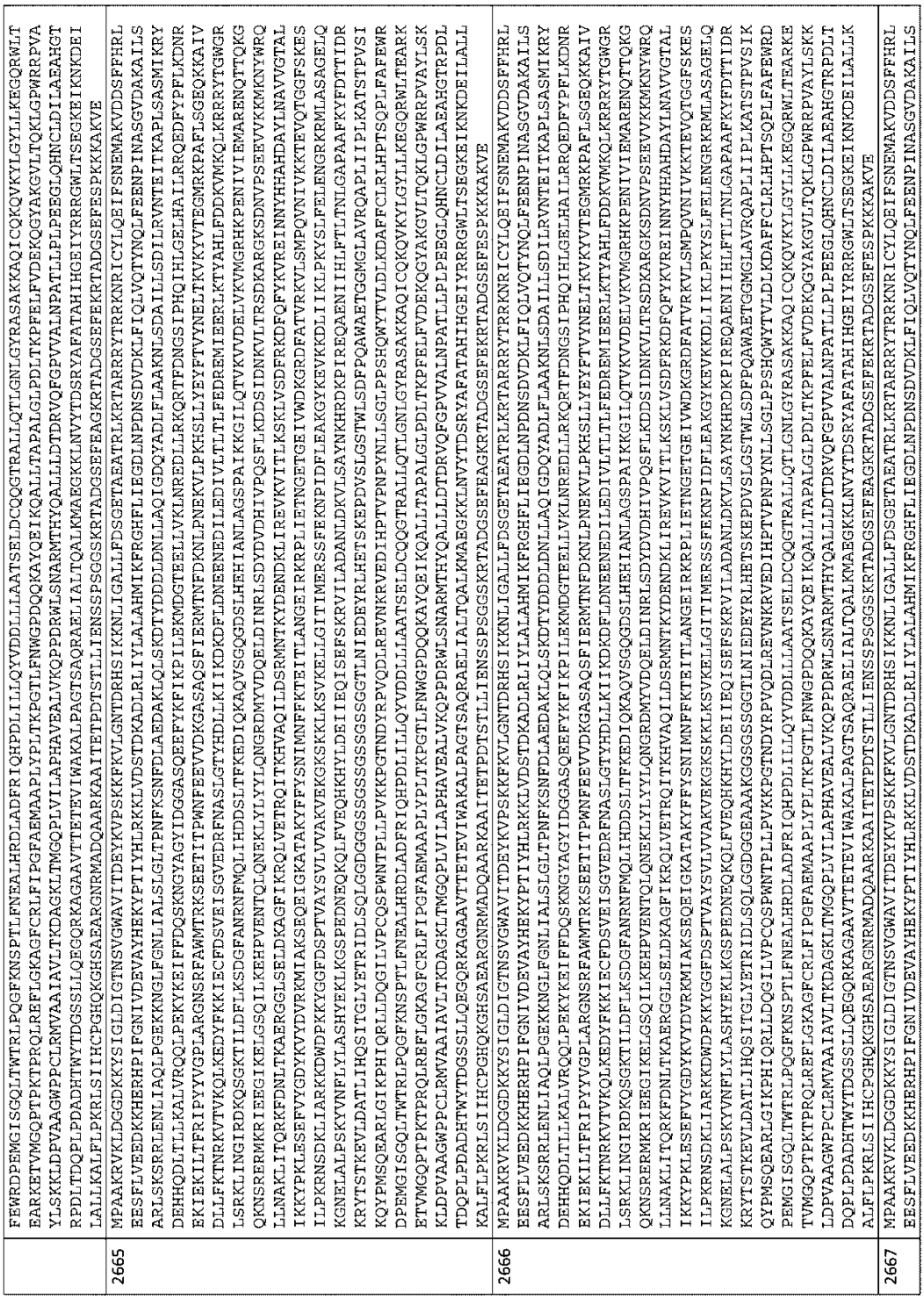
【０７６０】

【表Ａ１－２１８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAAAKGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQFLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2660 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQFLFAFEWRD |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2663 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST |
| | PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQFLFA |

【０７６１】

【表Ａ１－２１９】



| | |
|---|---|
| | FEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT |
| | EARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGT |
| | RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI |
| | LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2665 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSGSGSSGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2666 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSGSGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2667 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７６２】

【表Ａ１－２２０】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2669 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

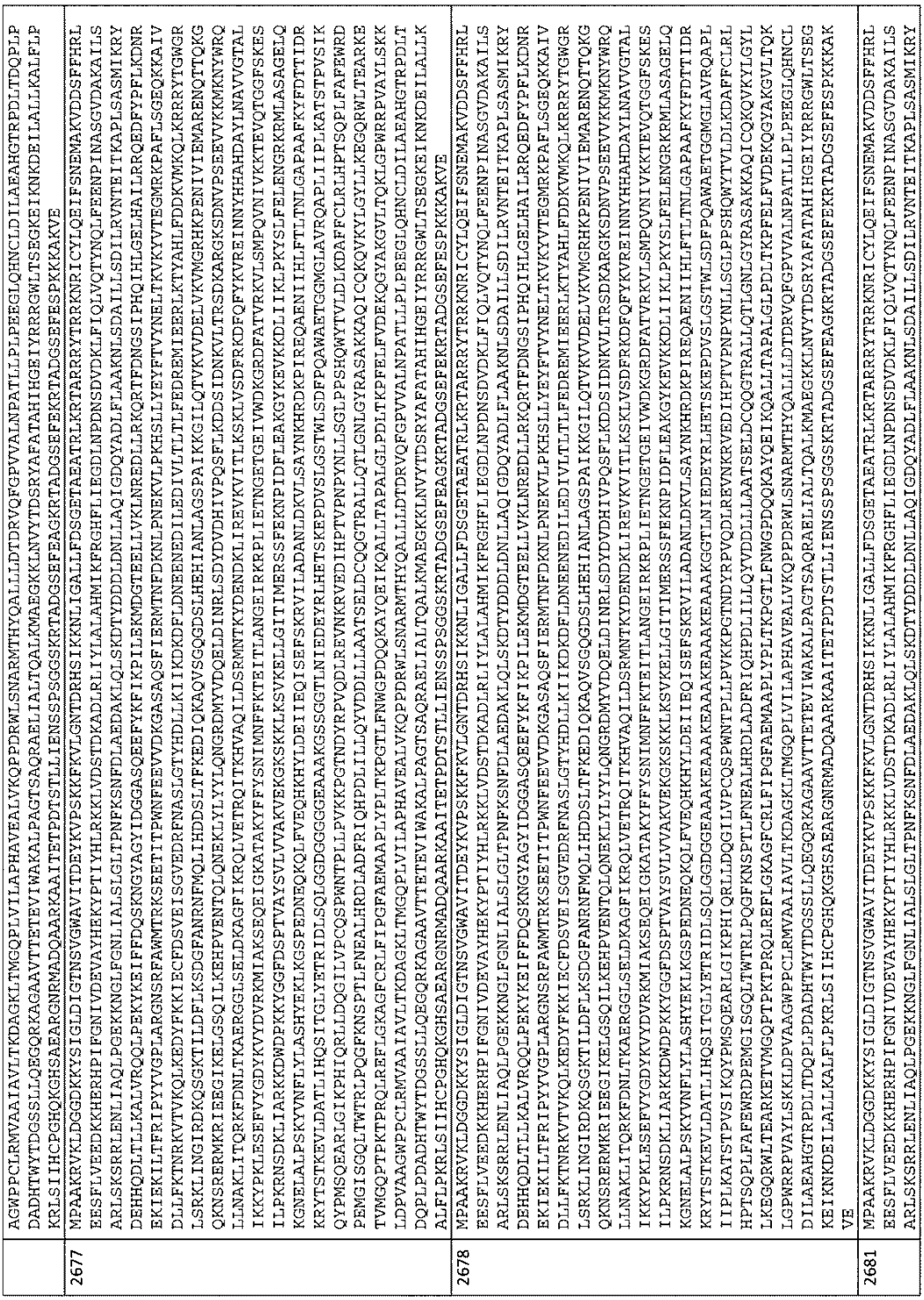
【０７６３】

【表Ａ１－２２１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2676 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2676 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |

【０７６４】

【表Ａ１－２２２】



| | |
|---|---|
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP<br>DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2677 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2678 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL<br>IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL<br>HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL<br>LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK<br>LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL<br>DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG<br>KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAK<br>VE |
| 2681 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |

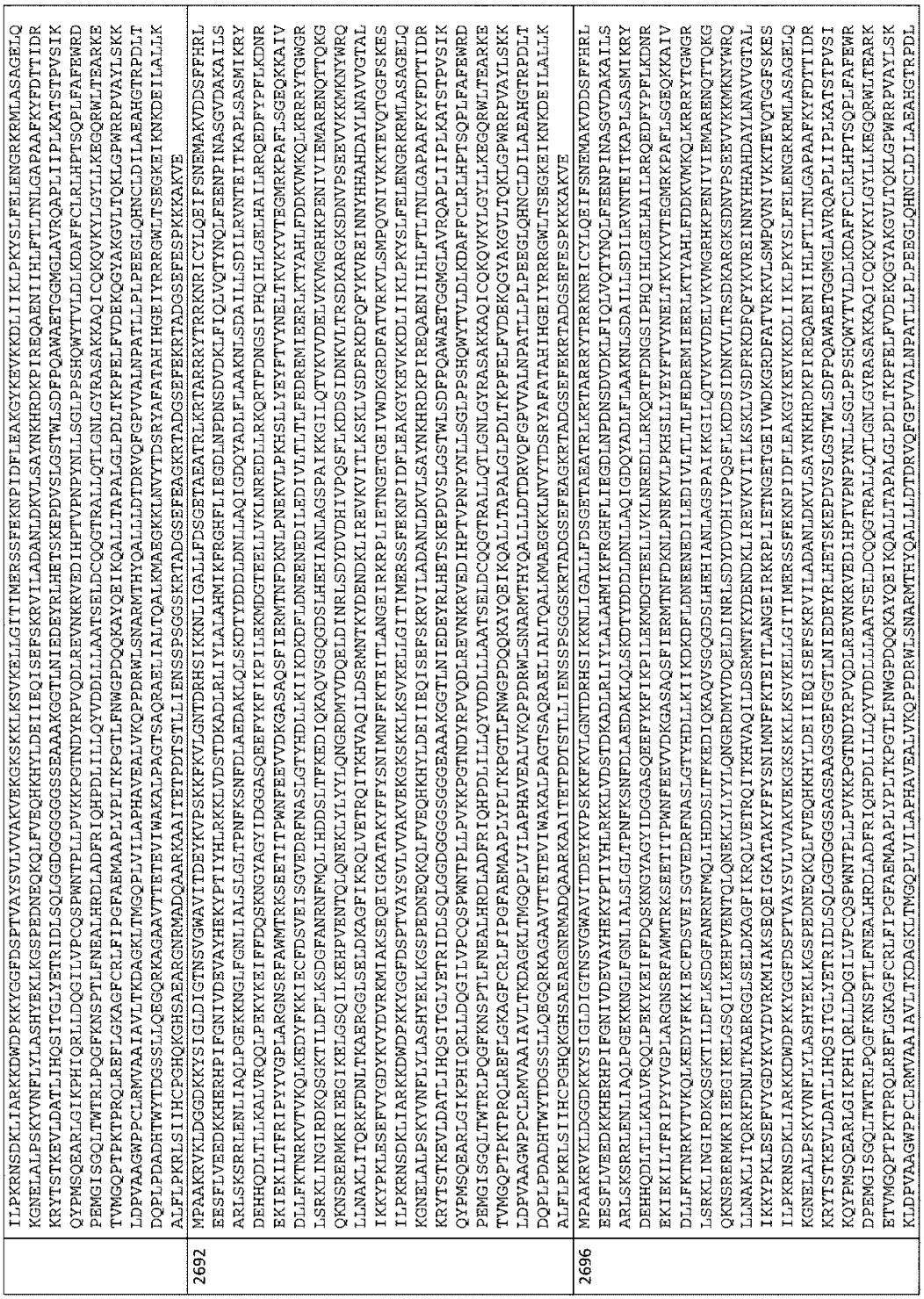
【０７６５】

【表Ａ１－２２３】

| | |
|---|---|
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2684 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2688 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKPKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |

【０７６６】

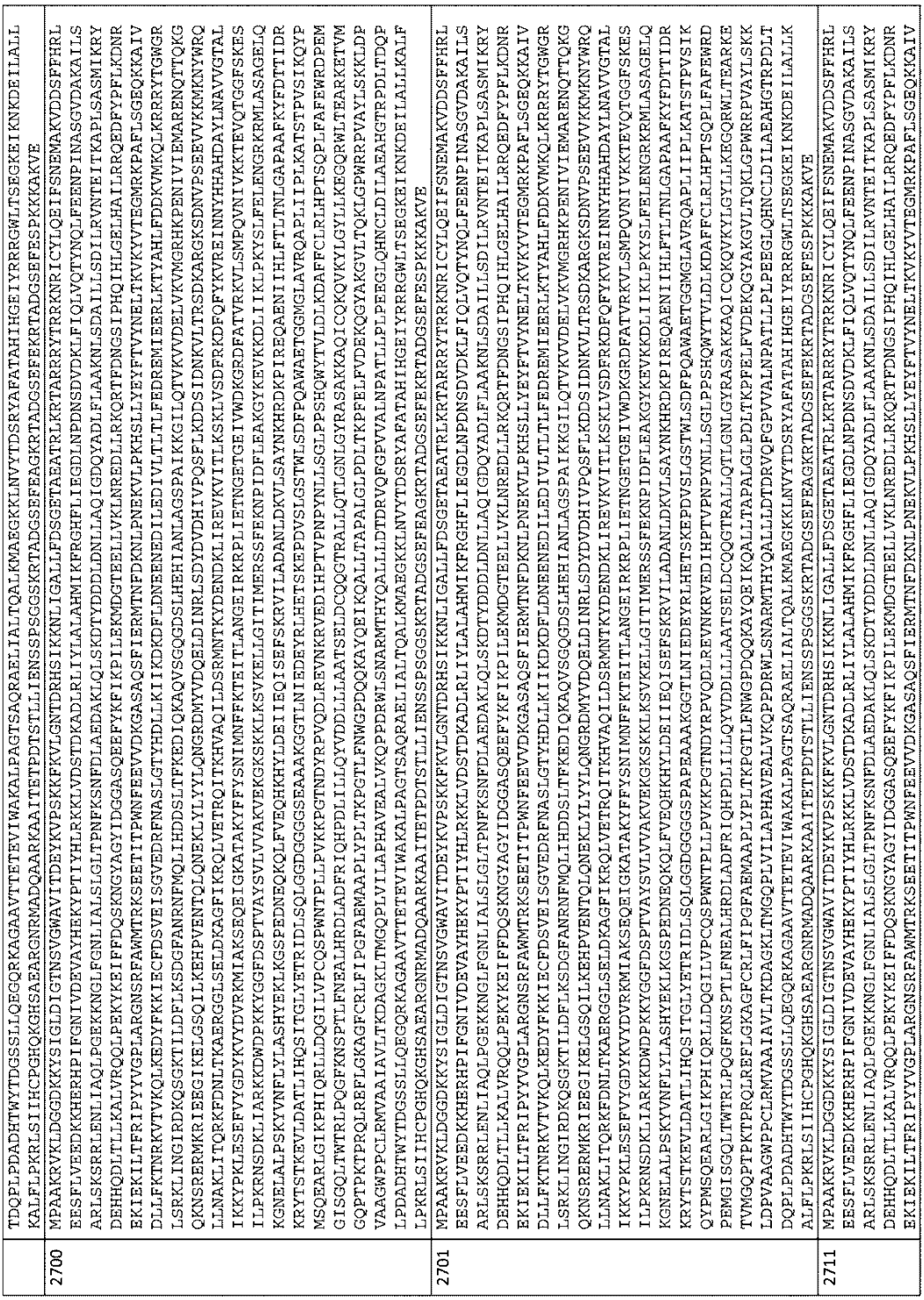
【表Ａ１－２２４】



| | |
|---|---|
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2692 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2696 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７６７】

【表Ａ１－２２５】



| | |
|---|---|
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2700 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2701 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2711 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７６８】

【表Ａ１－２２６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK

【表Ａ１－２２７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2713 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALLIK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2713 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

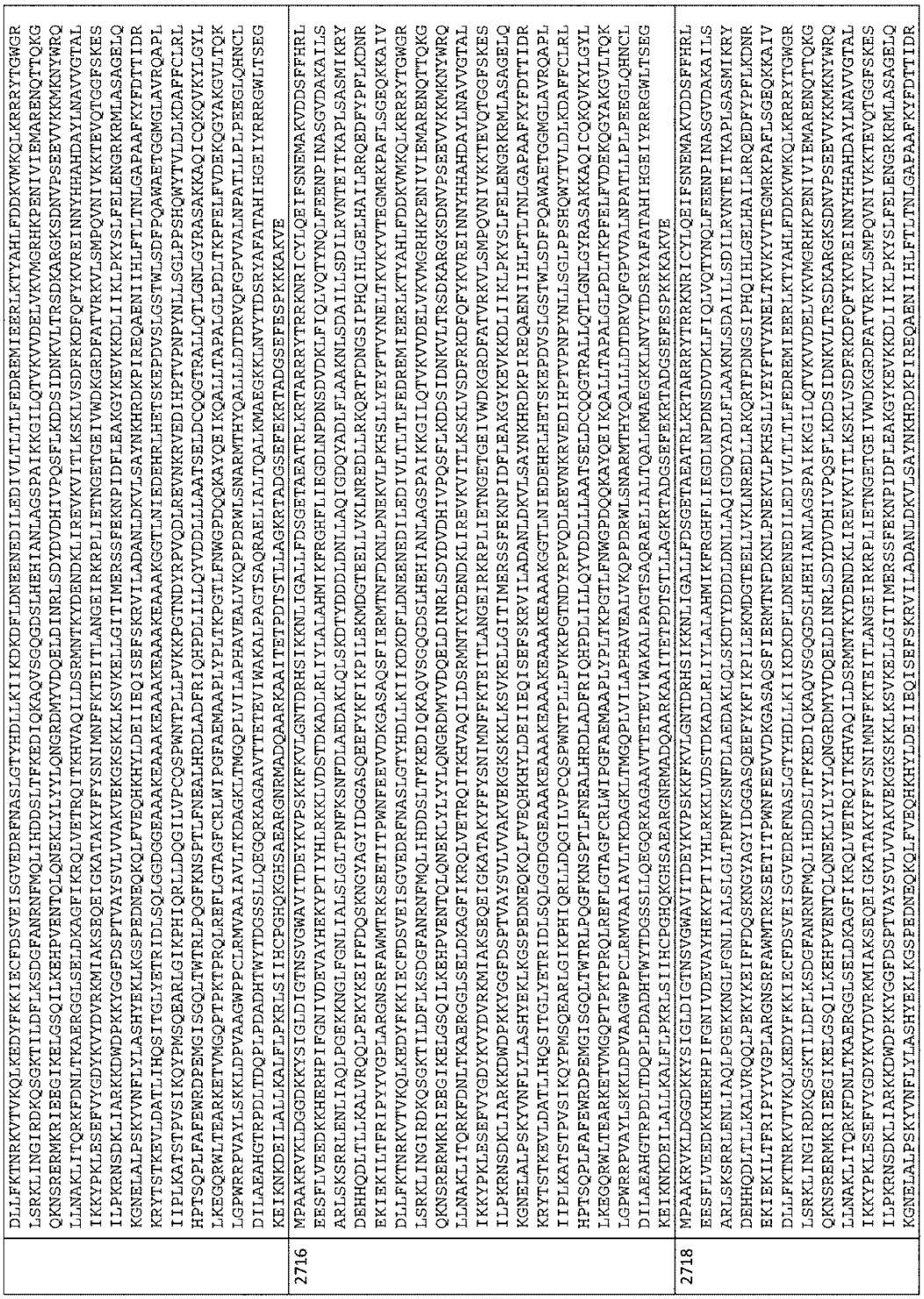
【０７７０】

【表Ａ１－２２８】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2714 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2715 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2716 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７７１】

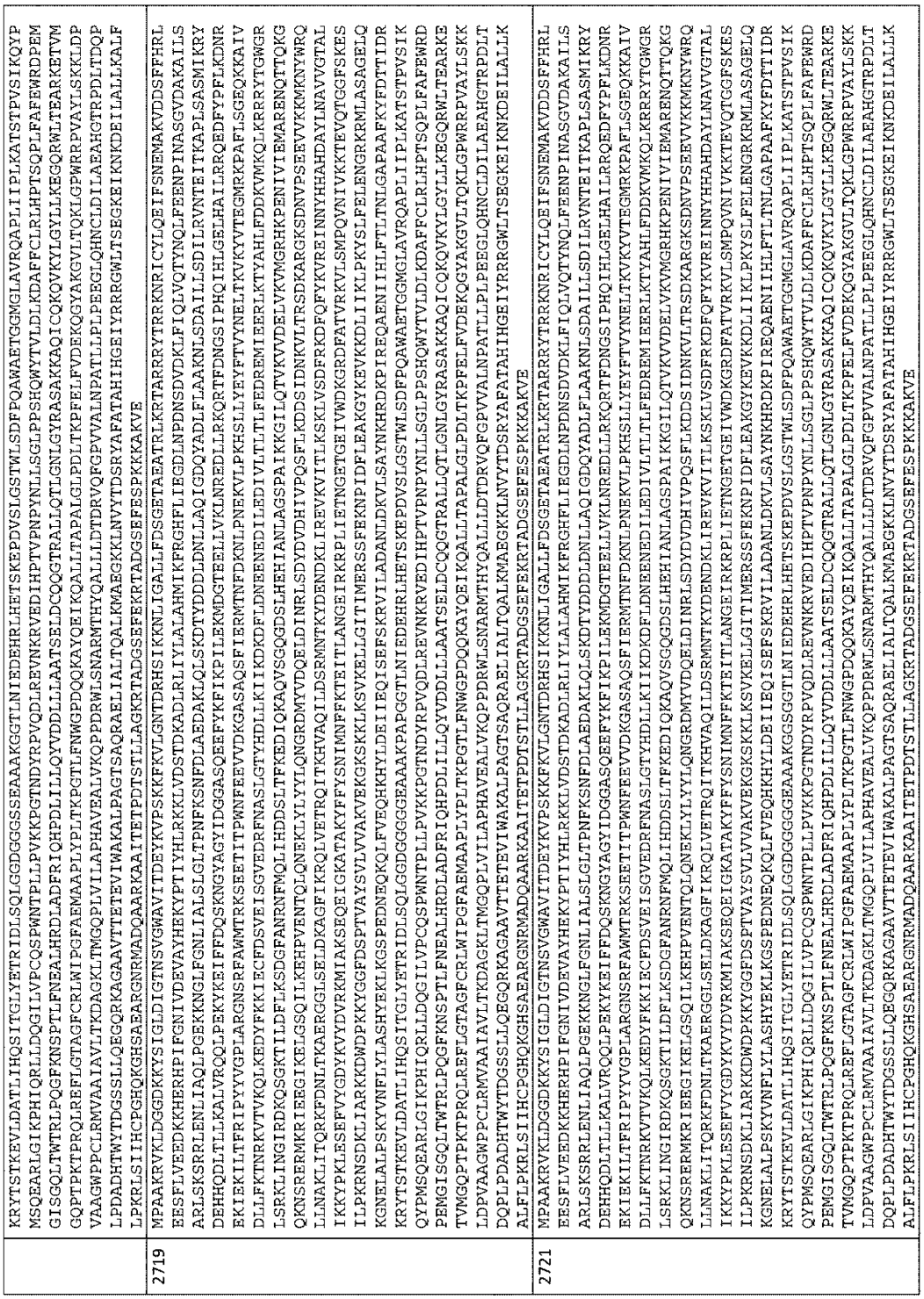
【表Ａ１－２２９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2716 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2718 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７７２】

【表Ａ１－２３０】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2719 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2721 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７７３】

【表Ａ１－２３１】

| | |
|---|---|
| 2722 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETCGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2723 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７７４】

【表Ａ１－２３２】

| | |
|---|---|
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2724 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTQQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2726 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |

【０７７５】

【表Ａ１－２３３】

| | |
|---|---|
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2731 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMG |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2734 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMG |
| | LAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLK |
| | DAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQK |
| | QVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGY |
| | AKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPE |
| | EGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRR |
| | RGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2737 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

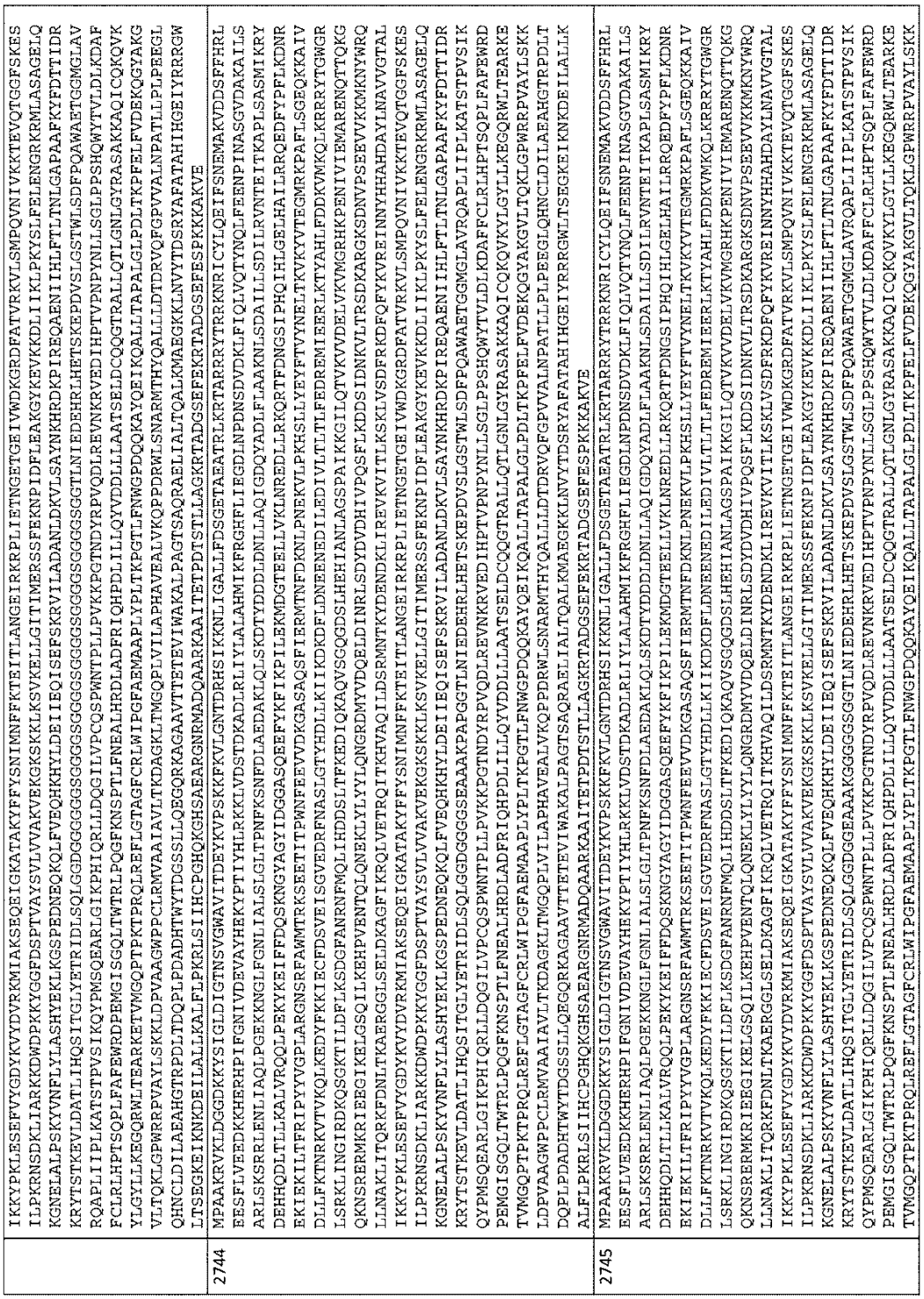
【０７７６】

【表Ａ１－２３４】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2741 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７７７】

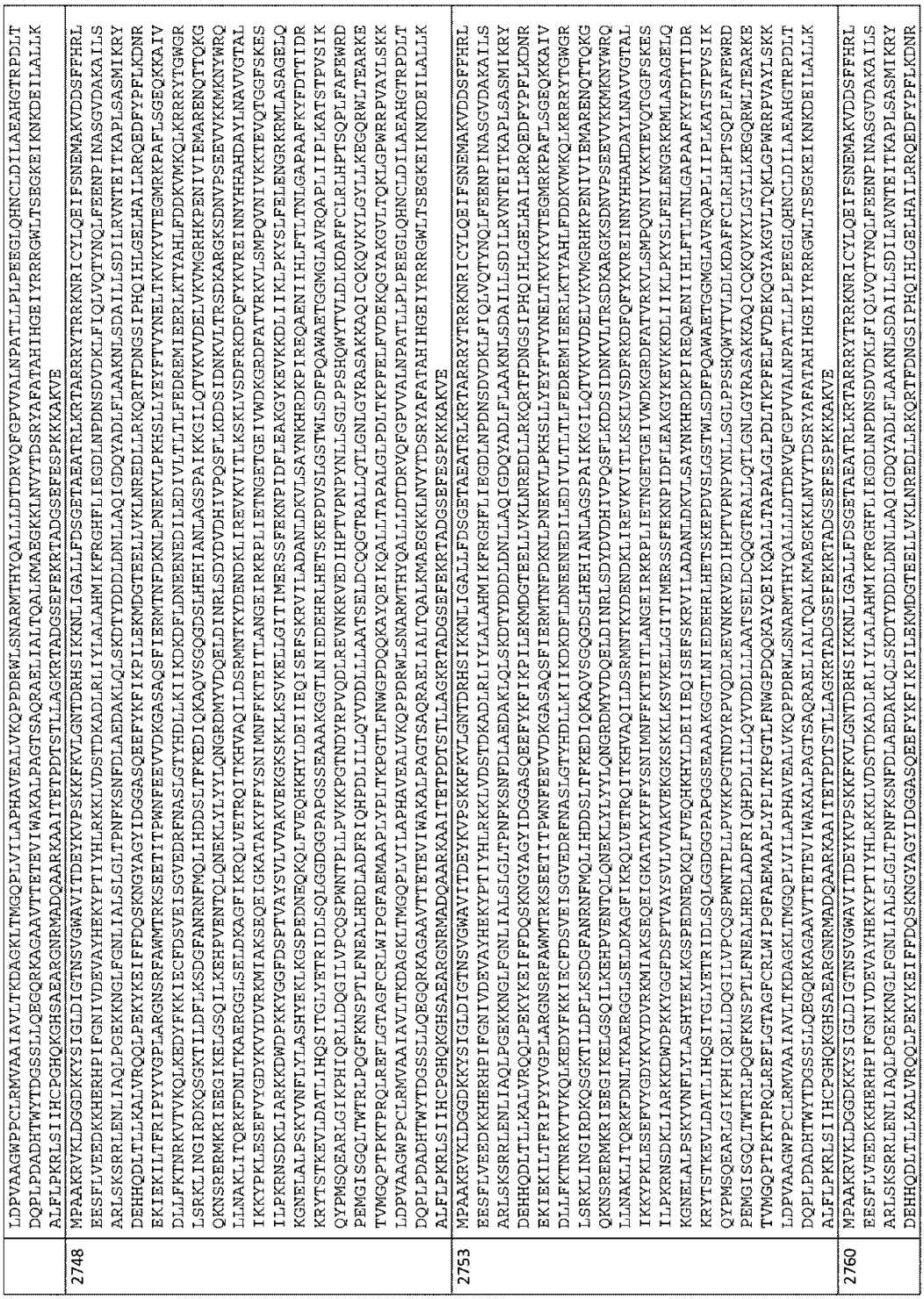
【表Ａ１－２３５】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLBSEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYPFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV<br>RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF<br>FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK<br>YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG<br>VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWN<br>LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2744 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2745 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGESEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７７８】

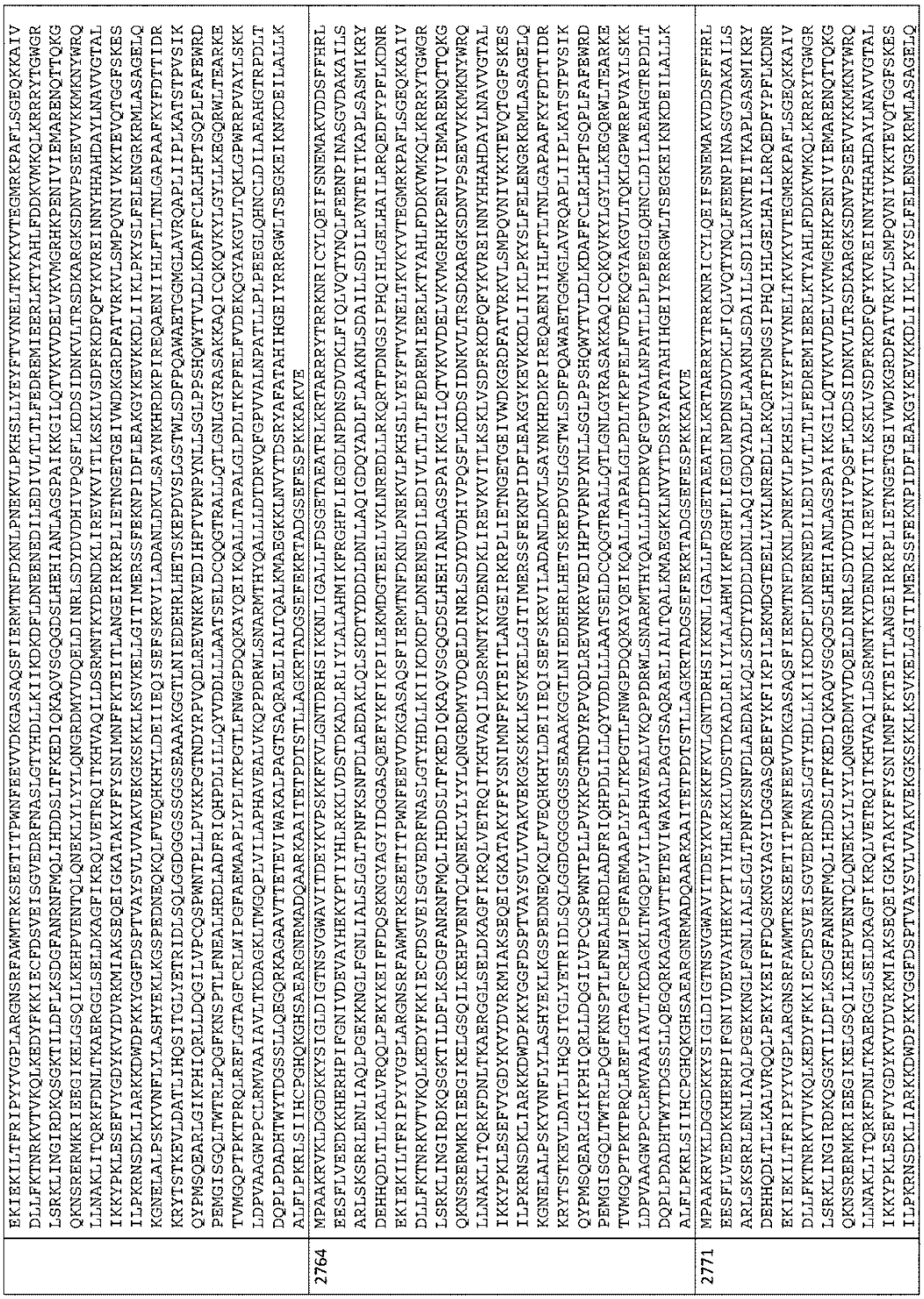
【表Ａ１－２３６】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2748 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2753 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2760 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７７９】

【表Ａ１－２３７】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2764 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2771 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

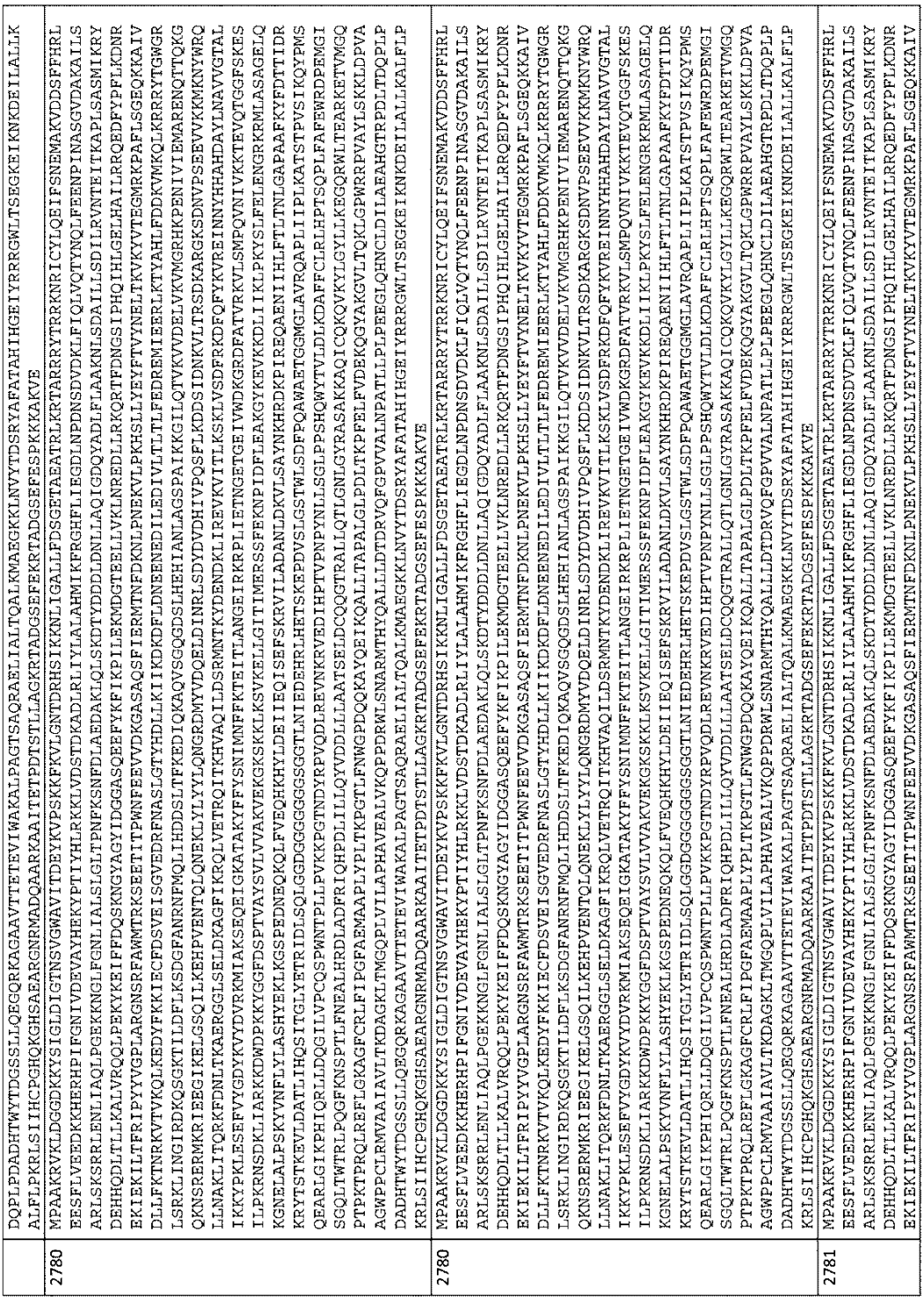
【０７８０】

【表Ａ１－２３８】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2772 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2776 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

【０７８１】

【表Ａ１－２３９】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2780 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2780 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2781 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７８２】

【表Ａ１－２４０】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2782 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

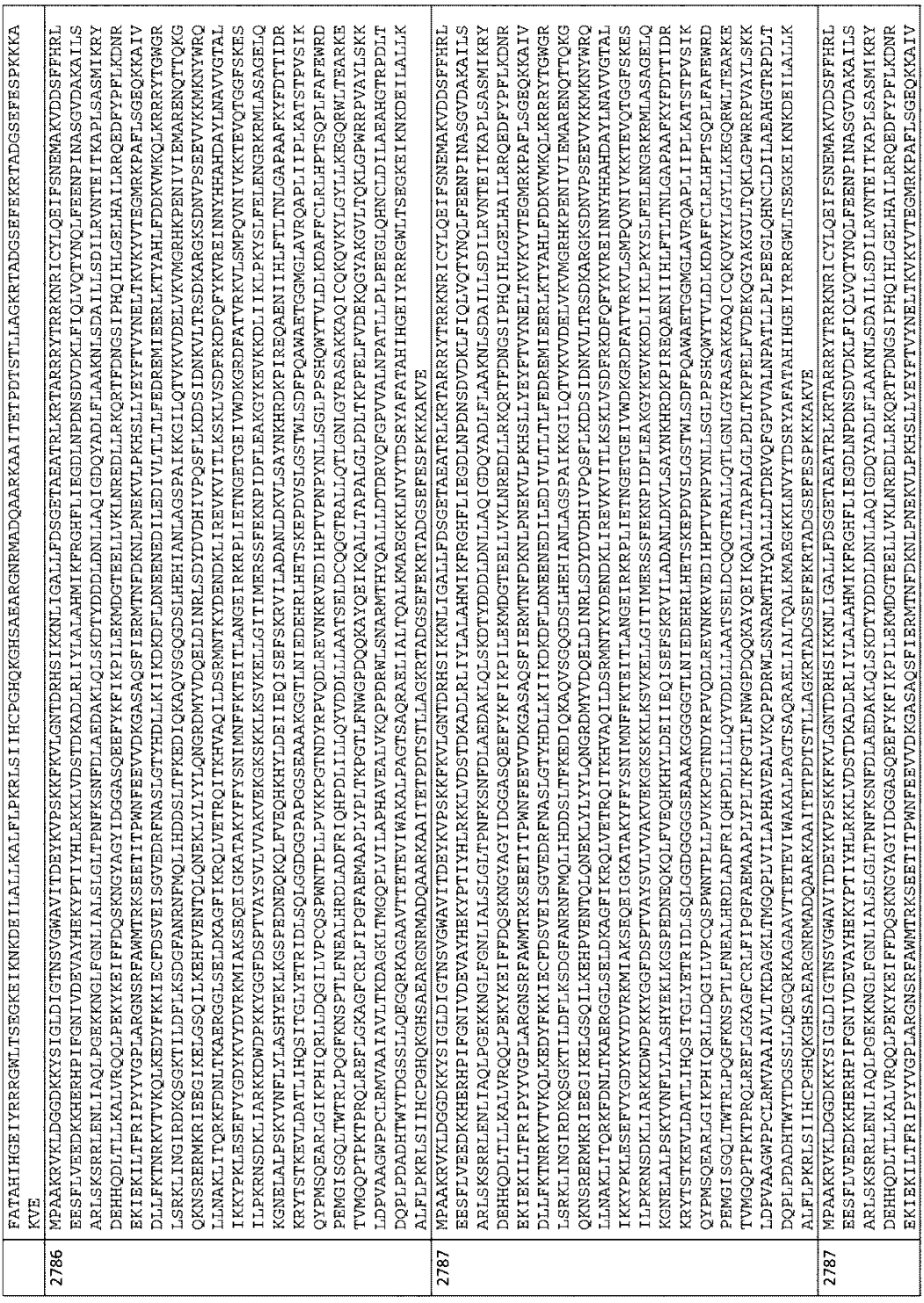
【０７８３】

【表Ａ１－２４１】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2783 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2784 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |

【０７８４】

【表Ａ１－２４２】



| | |
|---|---|
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA KVE |
| 2786 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE | |
| 2787 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE | |

【０７８５】

【表Ａ１－２４３】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISCQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2788 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2789 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７８６】

【表Ａ１－２４４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTIGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2790 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPM |
| | SQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTIGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG |
| | QPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL |
| | PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFL |
| | PKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2791 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７８７】

【表Ａ１－２４５】

| | |
|---|---|
| 2792 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2793 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSSEFESPKKKAKVE |
| 2794 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

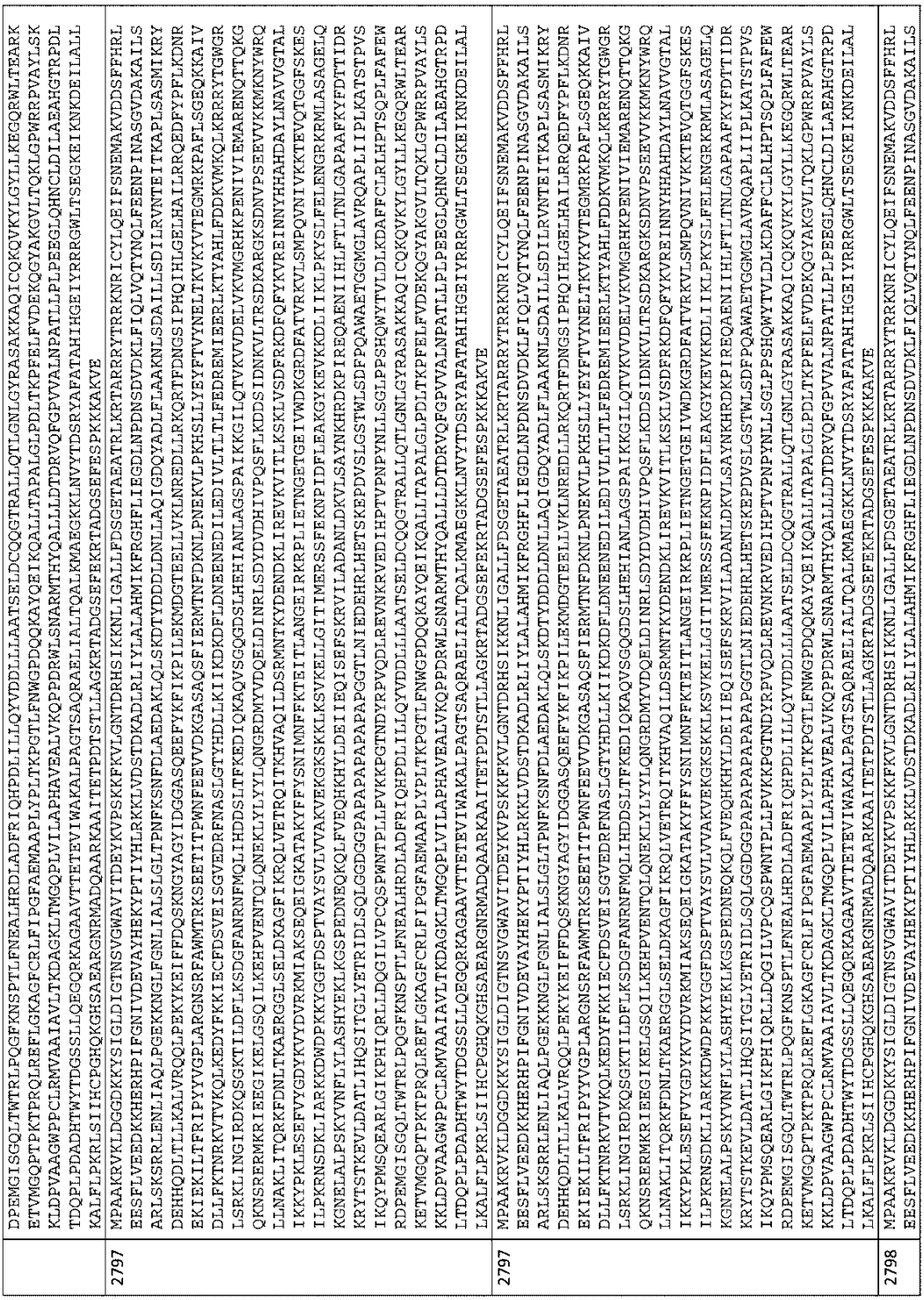
【０７８８】

【表Ａ１－２４６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAAAKGGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2795 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLVPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLVPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2795 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |

【０７８９】

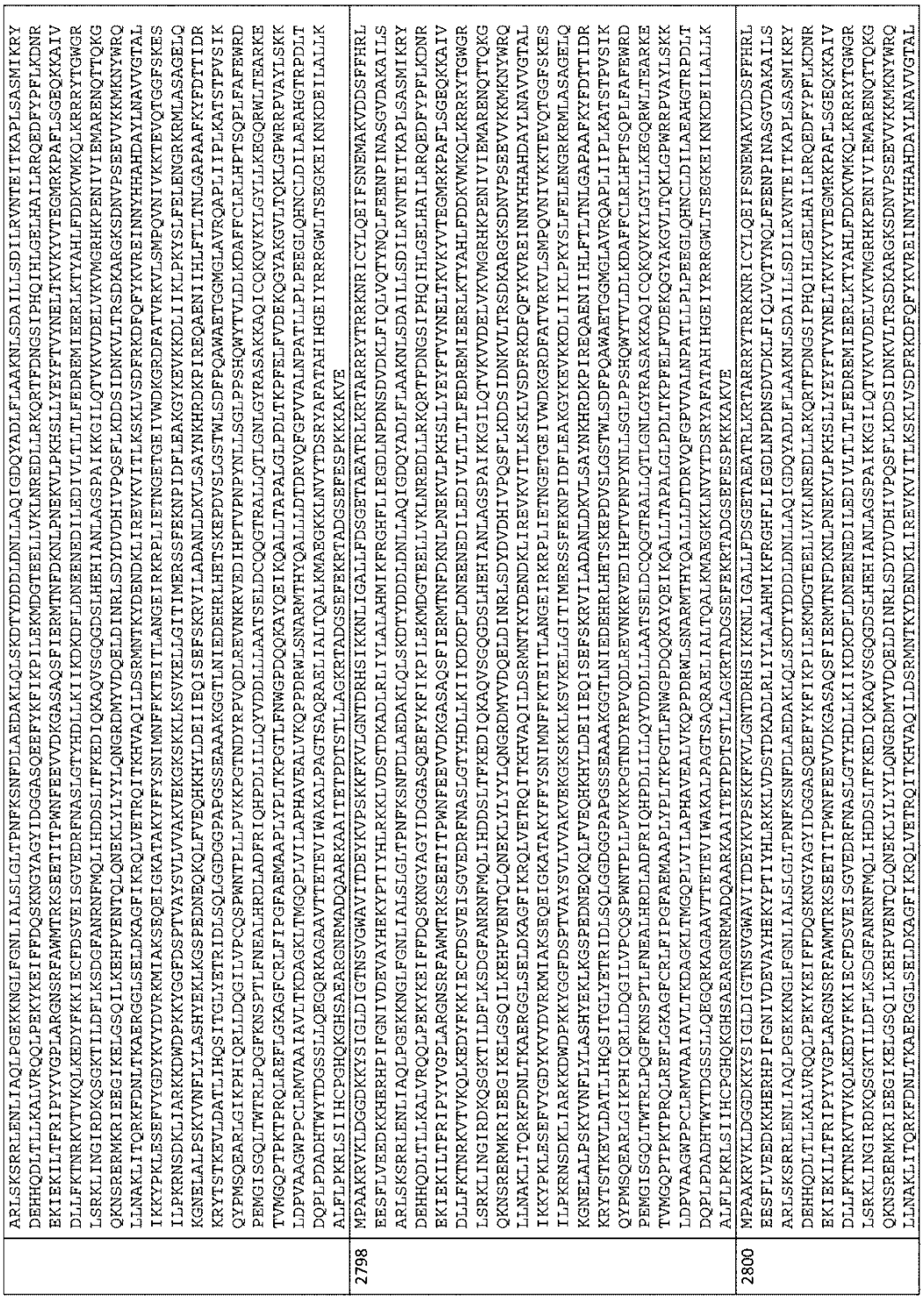
【表Ａ１－２４７】



| | |
|---|---|
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2797 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2797 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2798 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７９０】

【表Ａ１－２４８】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2798 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

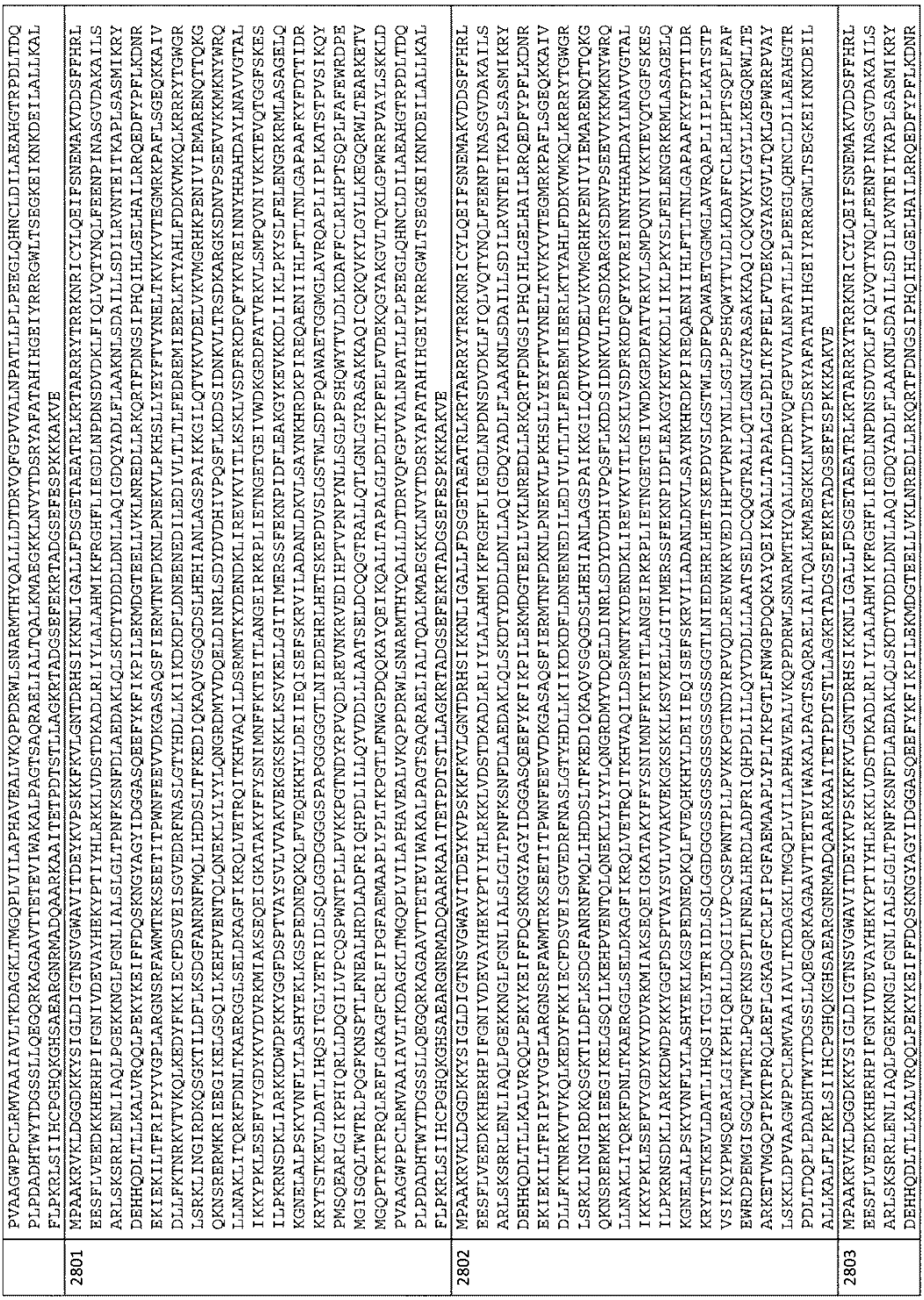
【０７９１】

【表Ａ１－２４９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKVFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2800 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKVFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| 2801 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０７９２】

【表Ａ１－２５０】



【０７９３】

【表Ａ１－２５１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAK

【表Ａ１－２５２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2805 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2808 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |

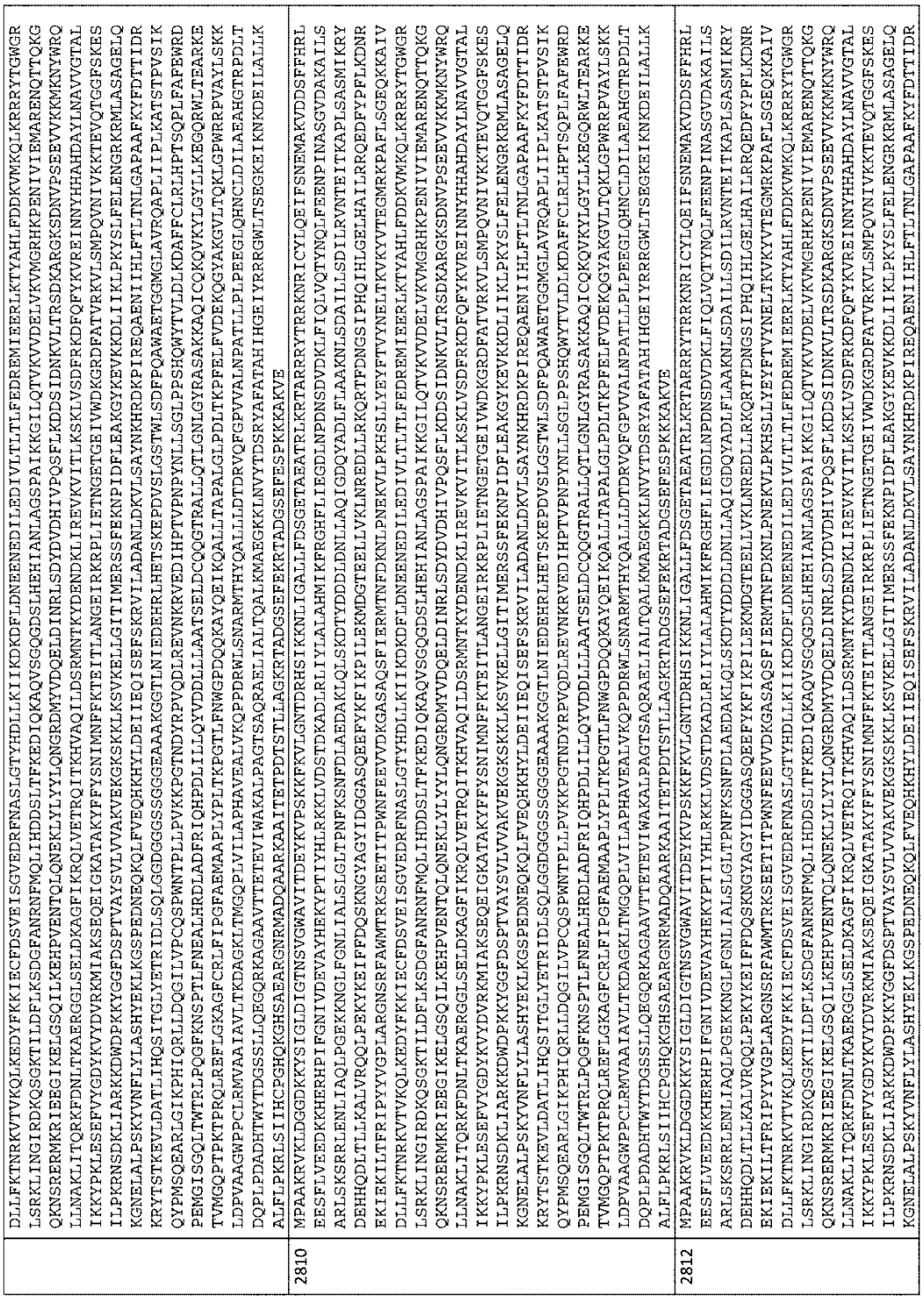
【０７９５】

【表Ａ１－２５３】

| | |
|---|---|
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2808 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2809 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2810 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７９６】

【表Ａ１－２５４】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2810 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2812 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

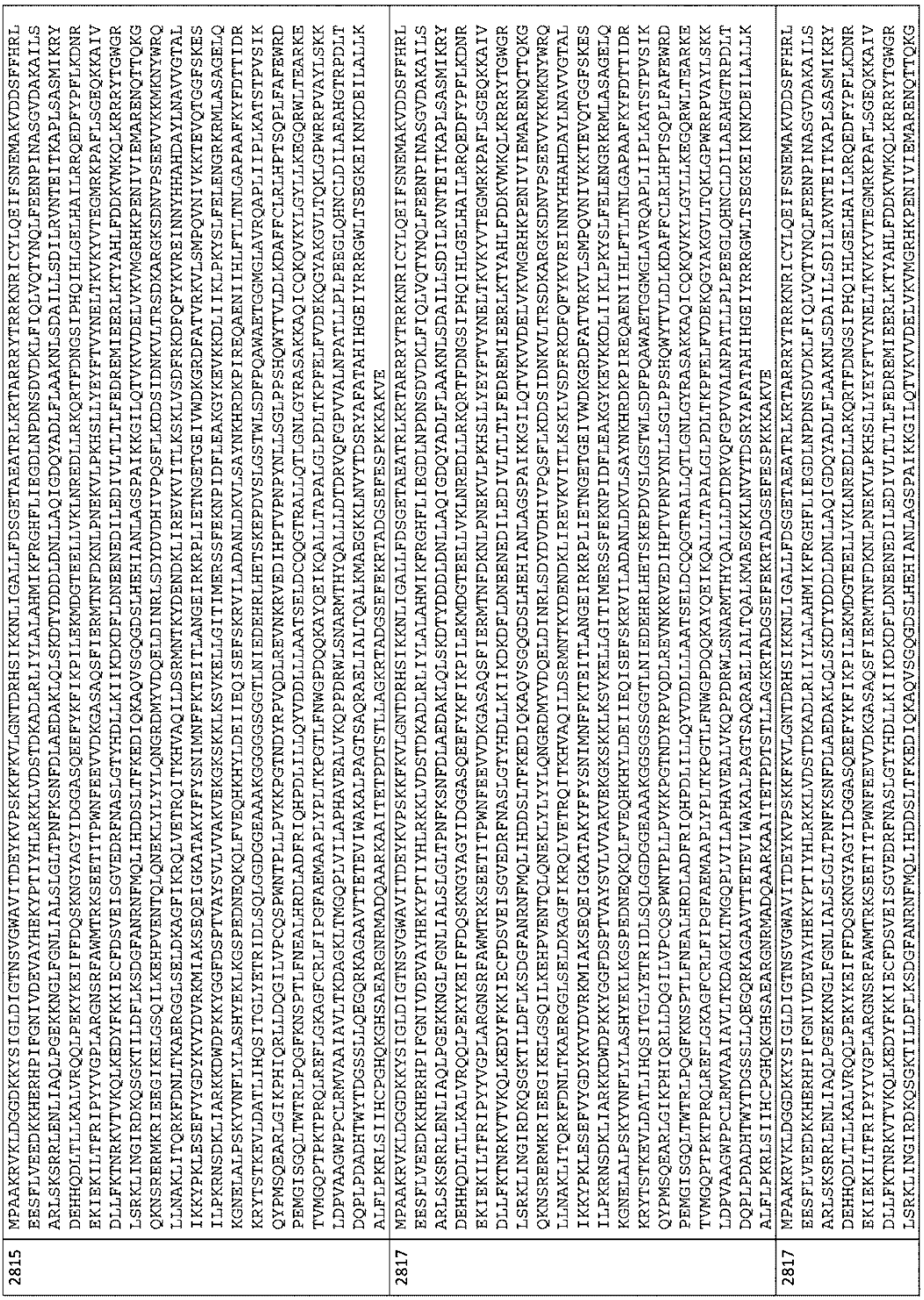
【０７９７】

【表Ａ１－２５５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2813 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2815 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７９８】

【表Ａ１－２５６】



| | |
|---|---|
| 2815 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2817 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７９９】

【表Ａ１－２５７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLIT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2818 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLITDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2818 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |

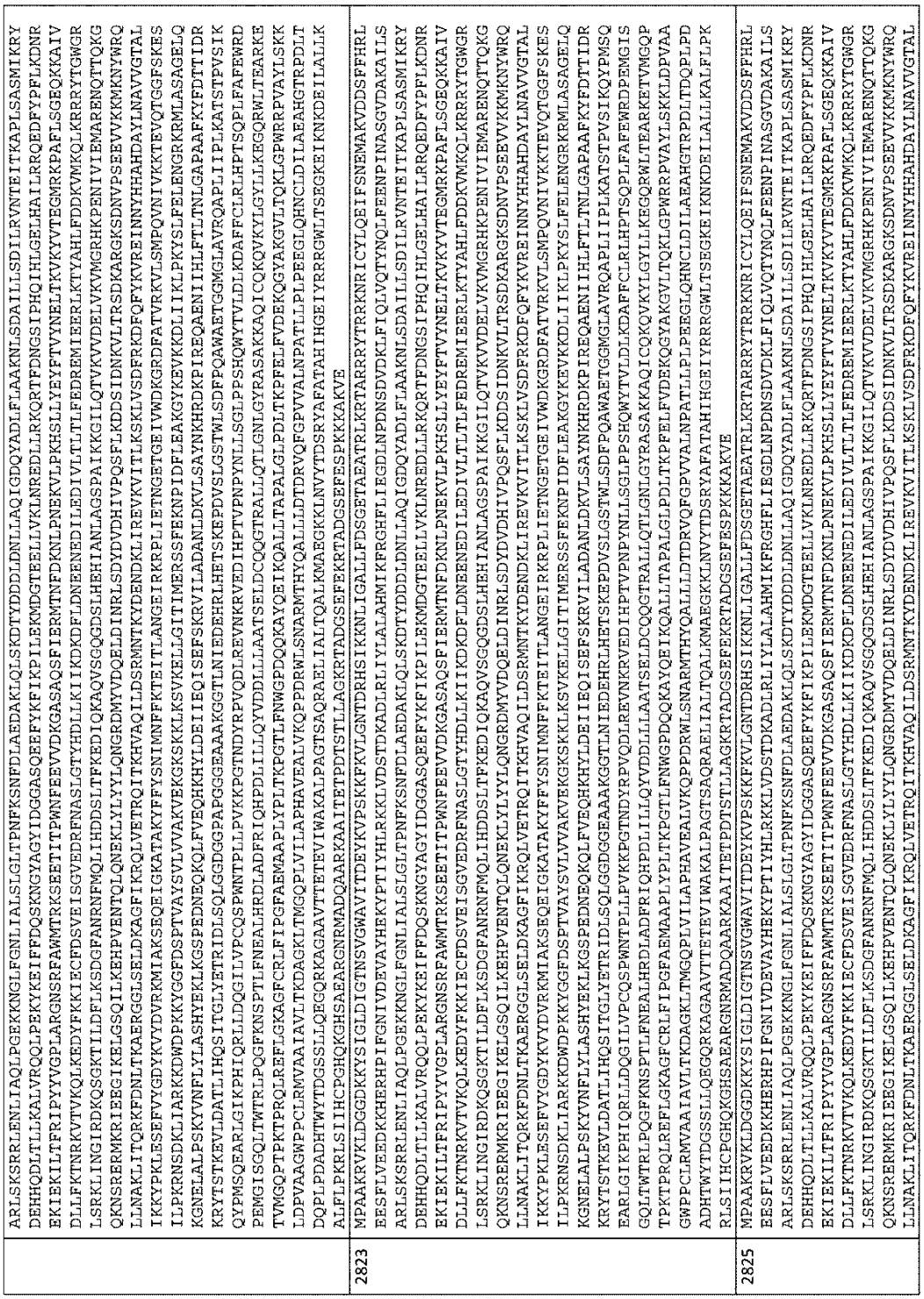
【０８００】

【表Ａ１－２５８】

| | |
|---|---|
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2819 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2822 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８０１】

【表Ａ１－２５９】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2823 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| 2825 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

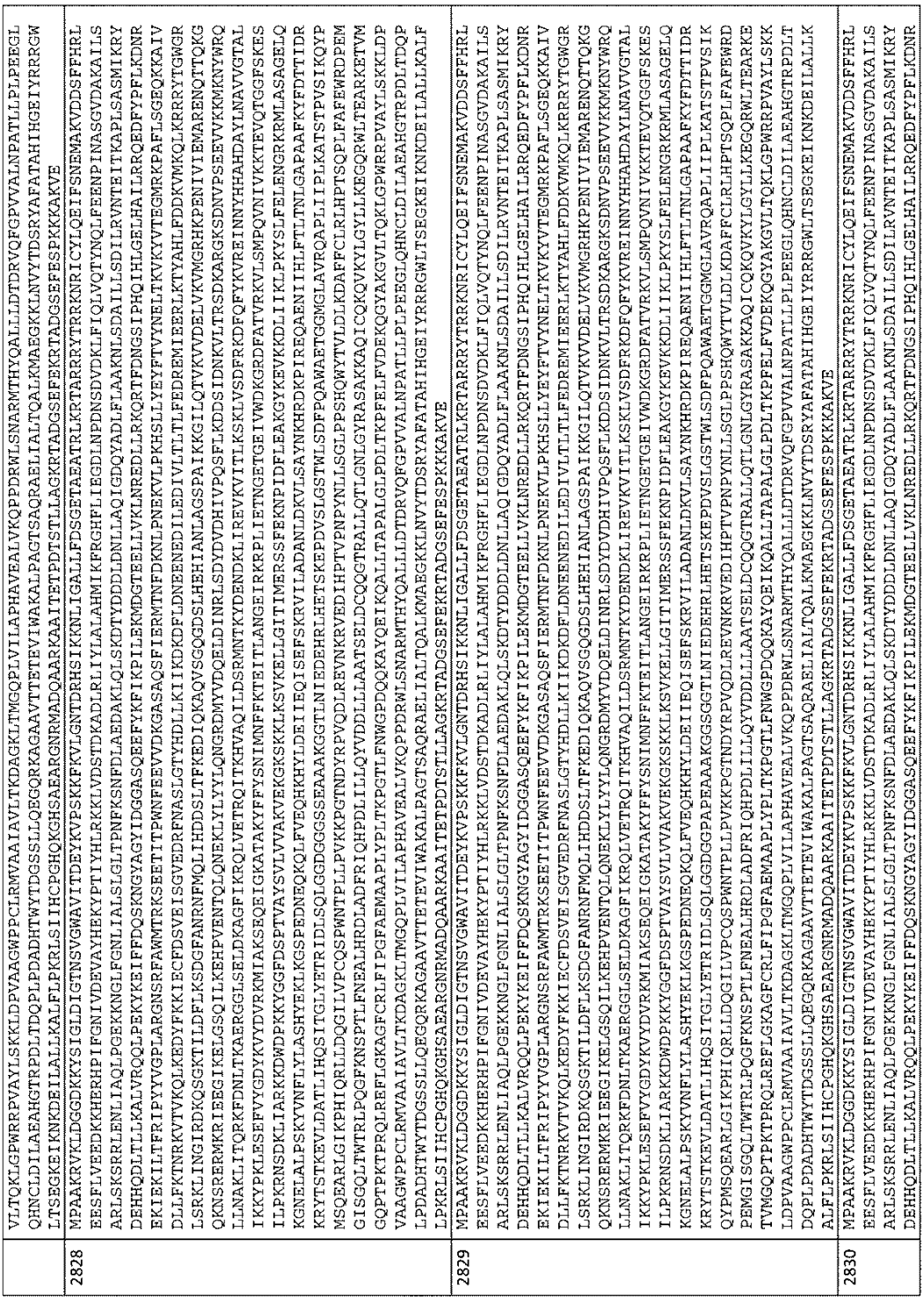
【０８０２】

【表Ａ１－２６０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2826 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2827 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |

【０８０３】

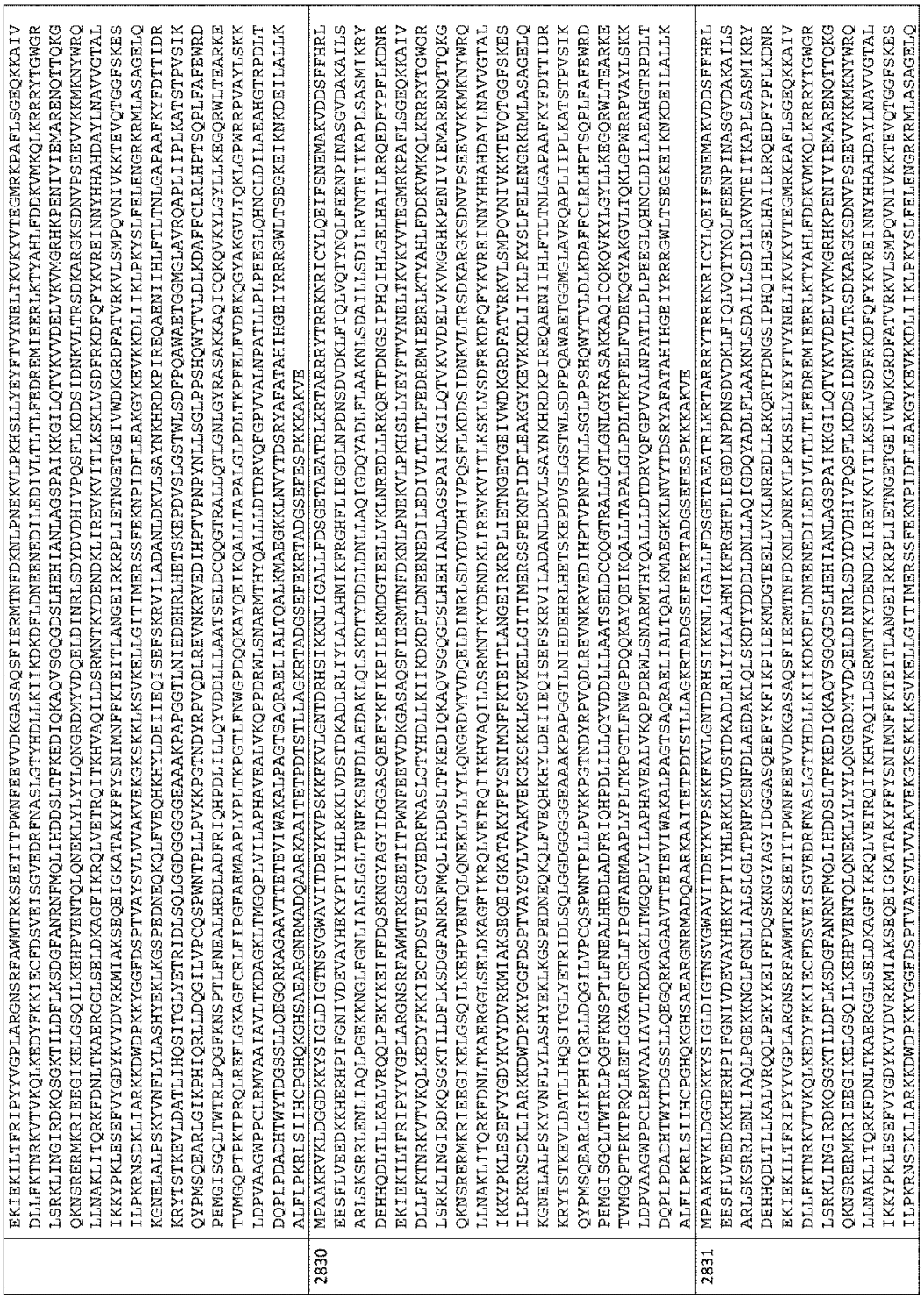
【表Ａ１－２６１】



| | |
|---|---|
| | VLTQKLGPWRRPVAVLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2828 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2829 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2830 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８０４】

【表Ａ１－２６２】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2830 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2831 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

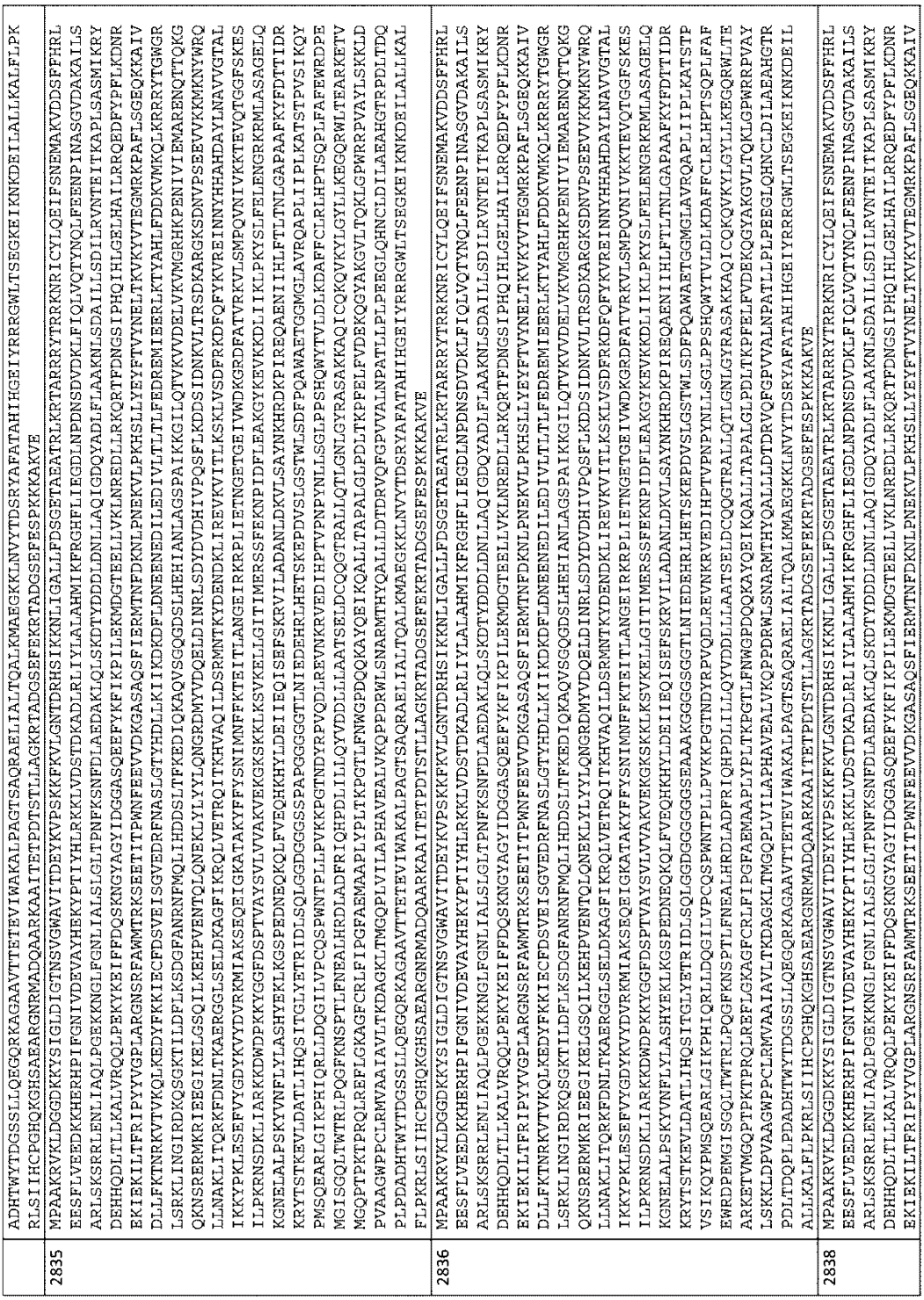
【０８０５】

【表Ａ１－２６３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2833 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2834 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |

【０８０６】

【表Ａ１－２６４】



| | |
|---|---|
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK<br>RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2835 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2836 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2838 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８０７】

【表Ａ１－２６５】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTIGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2839 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2840 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８０８】

【表Ａ１－２６６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2840 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2844 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８０９】

【表Ａ１－２６７】

| | |
|---|---|
| 2845 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ<br>YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET<br>VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD<br>QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2846 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2848 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

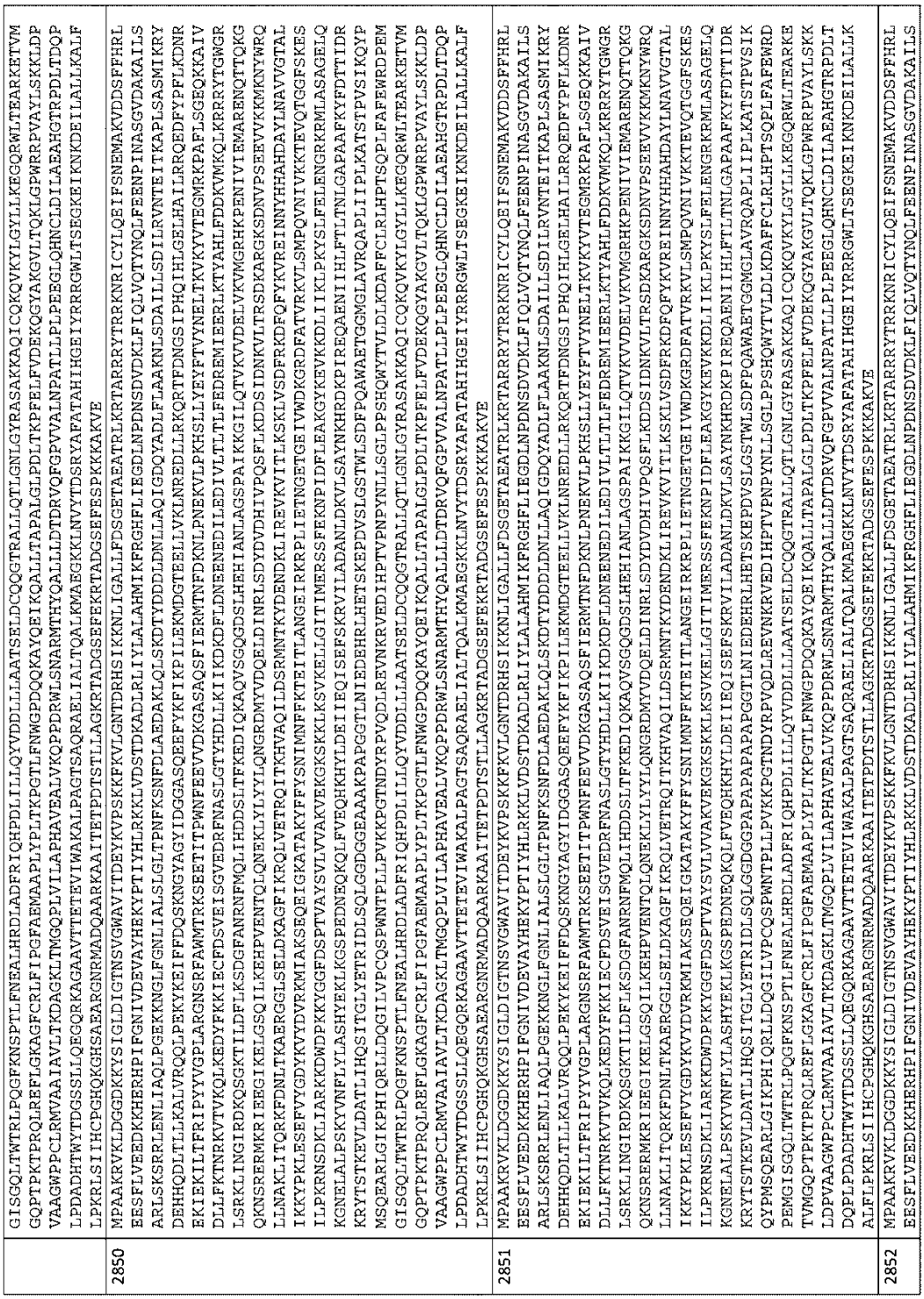
【０８１０】

【表Ａ１－２６８】

| | |
|---|---|
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2849 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2850 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |

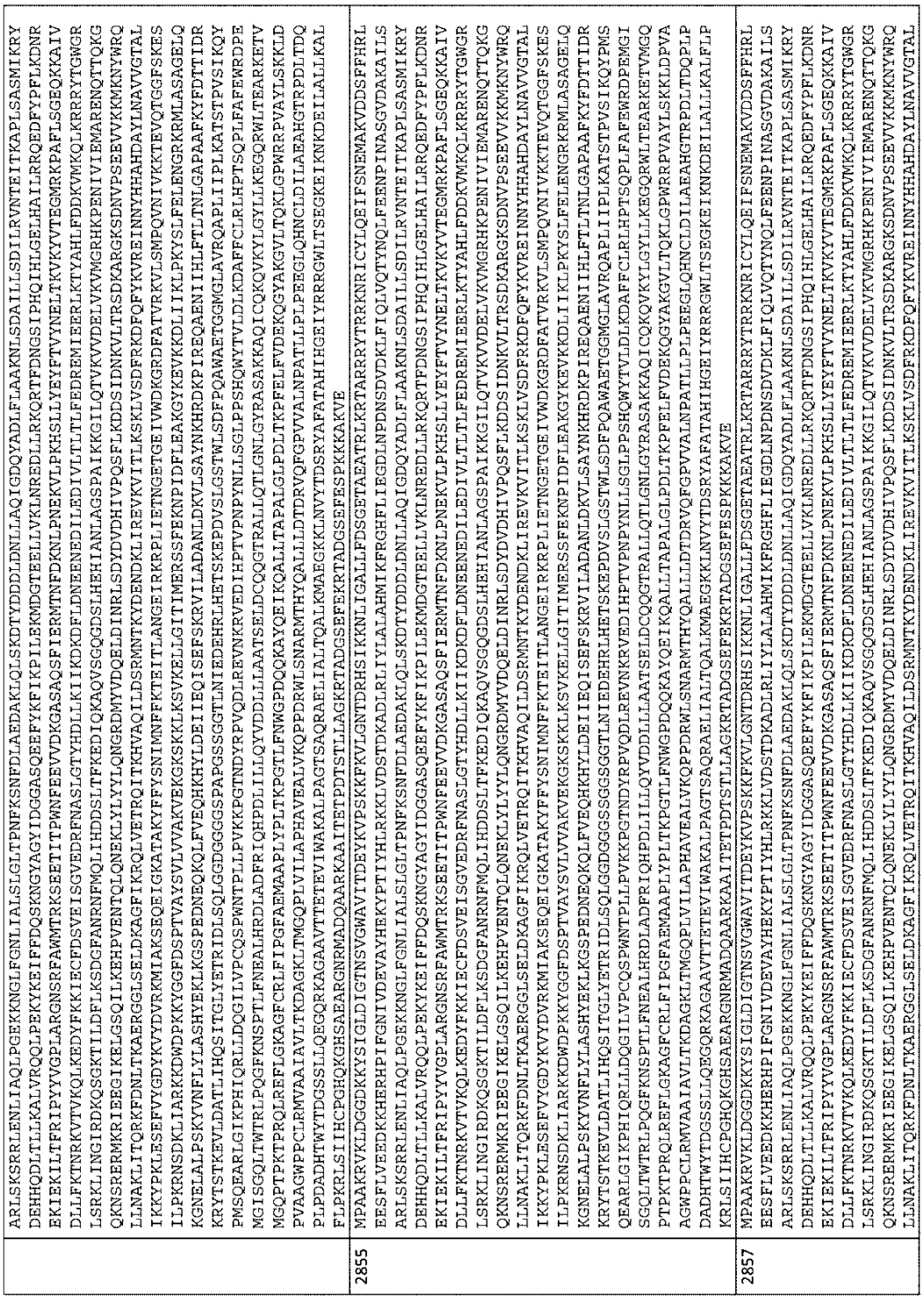
【０８１１】

【表Ａ１－２６９】



【０８１２】

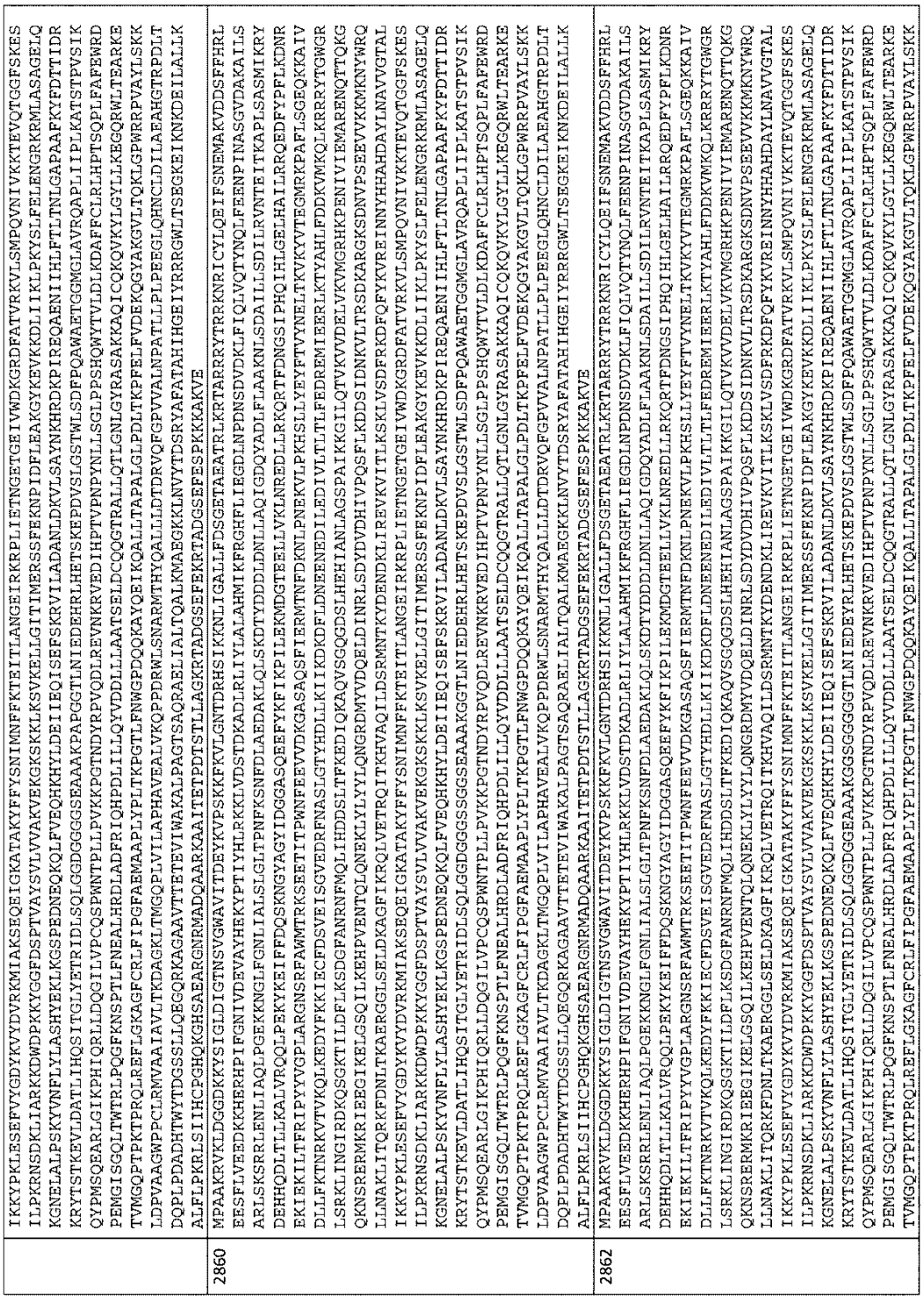
【表Ａ１－２７０】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2855 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８１３】

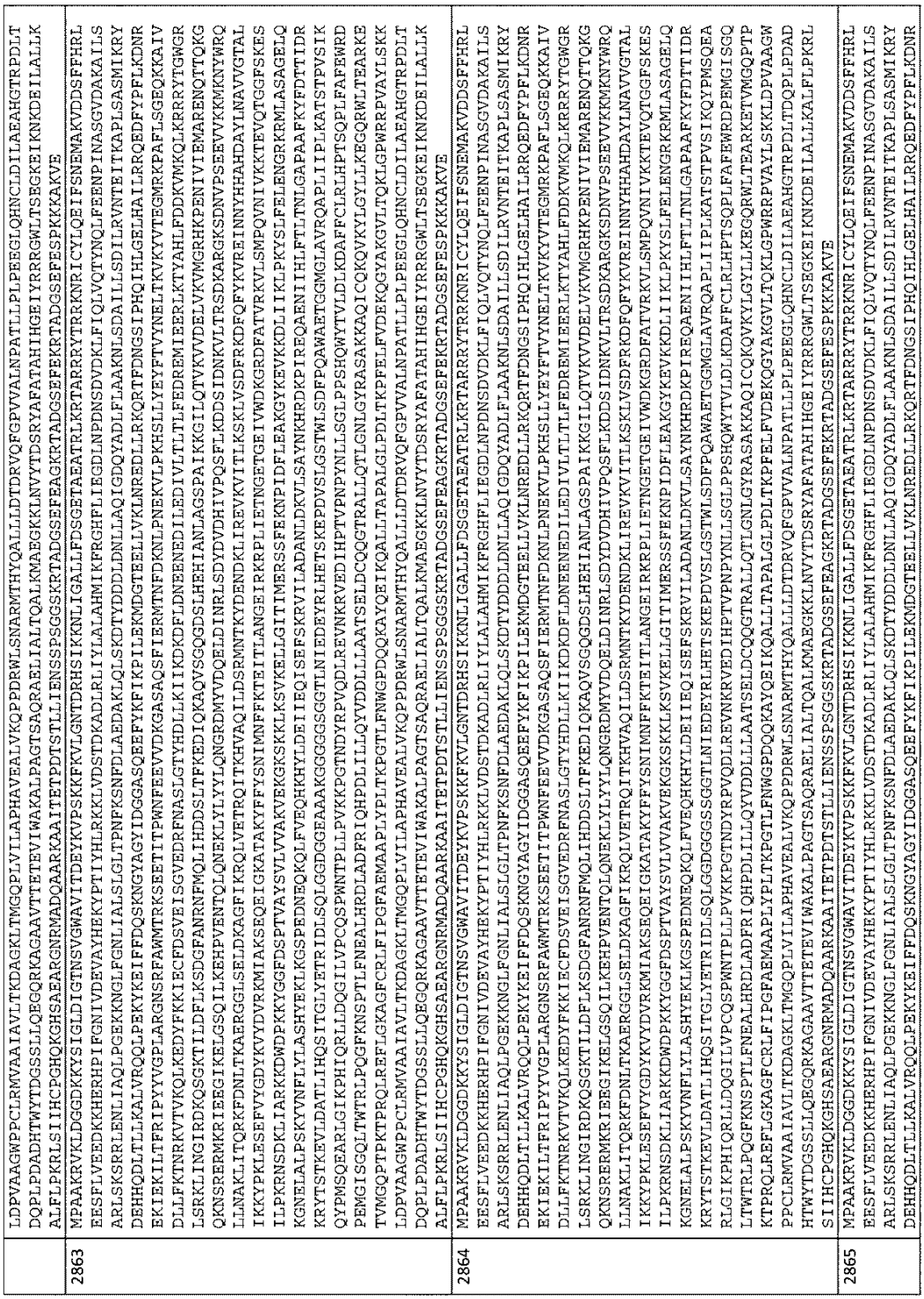
【表Ａ１－２７１】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2860 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2862 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０８１４】

【表Ａ１－２７２】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2863 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2864 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKYQSQEA<br>RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ<br>LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP<br>KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW<br>PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD<br>HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL<br>SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2865 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８１５】

【表Ａ１－２７３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2865 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2866 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

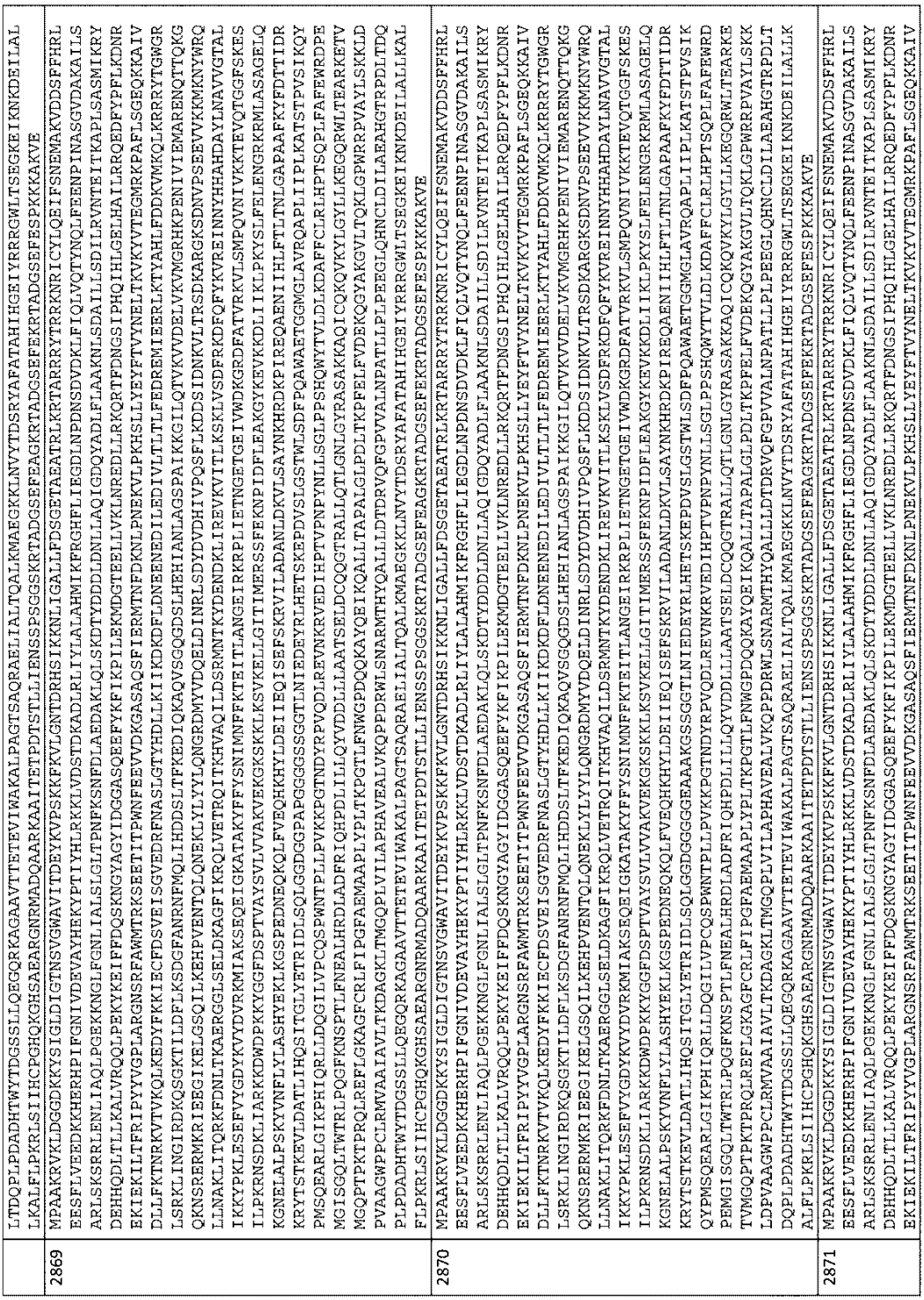
【０８１６】

【表Ａ１－２７４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2867 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2868 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |

【０８１７】

【表Ａ１－２７５】



| | |
|---|---|
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL<br>LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2869 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQQYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2870 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８１８】

【表Ａ１－２７６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2872 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８１９】

【表Ａ１－２７７】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2873 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

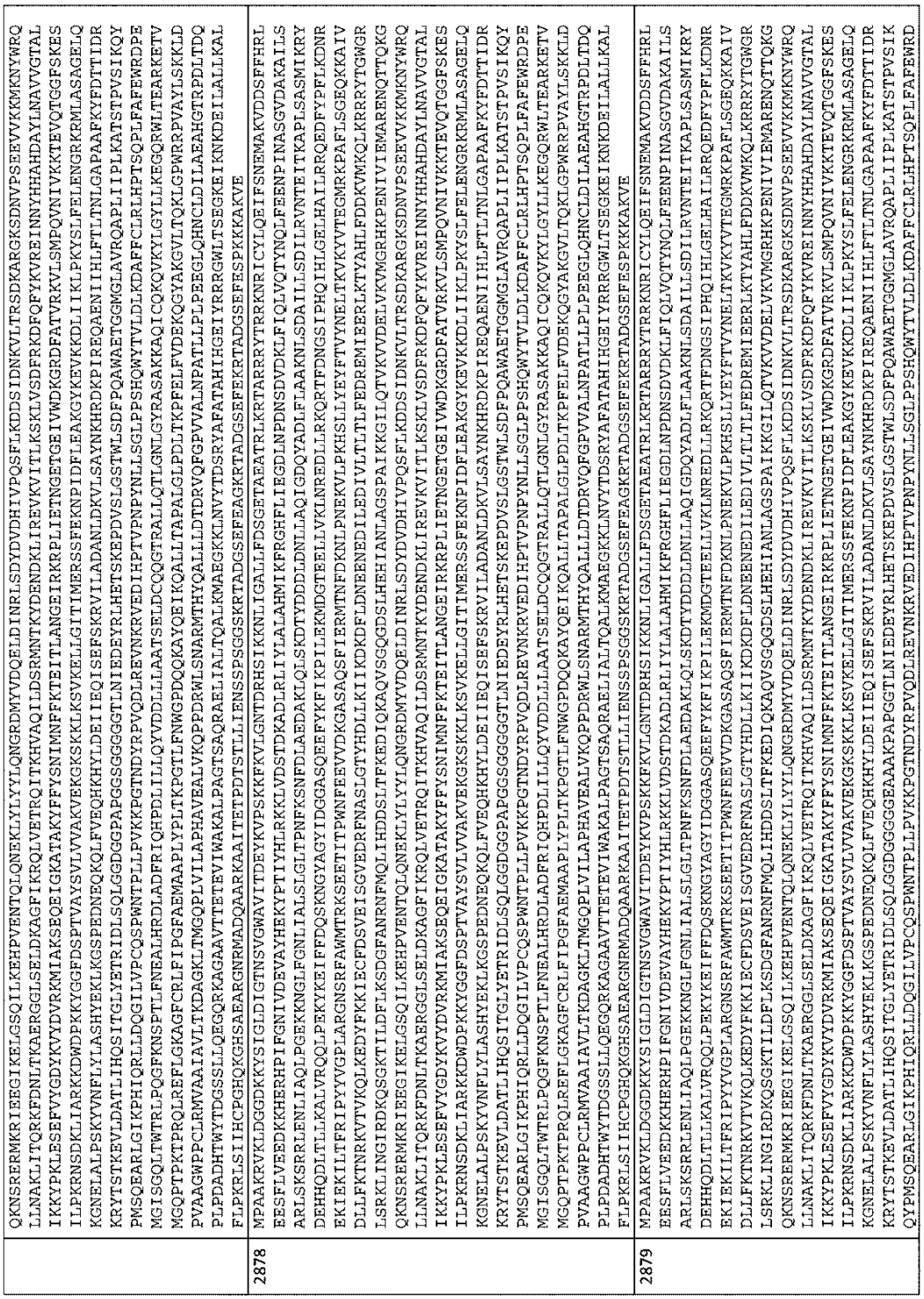
【０８２０】

【表Ａ１－２７８】

| | |
|---|---|
| 2874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2877 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2878 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８２１】

【表Ａ１－２７９】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2878 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2879 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０８２２】

【表Ａ１－２８０】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2880 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL<br>IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS<br>HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL<br>LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK<br>LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL<br>DILAEAHGTRPDLTPQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG<br>KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAK<br>VE |
| 2881 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ<br>EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP<br>TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA<br>GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD<br>ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK<br>RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８２３】

【表Ａ１－２８１】

| | |
|---|---|
| 2883 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM<br>GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP<br>LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2885 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2886 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

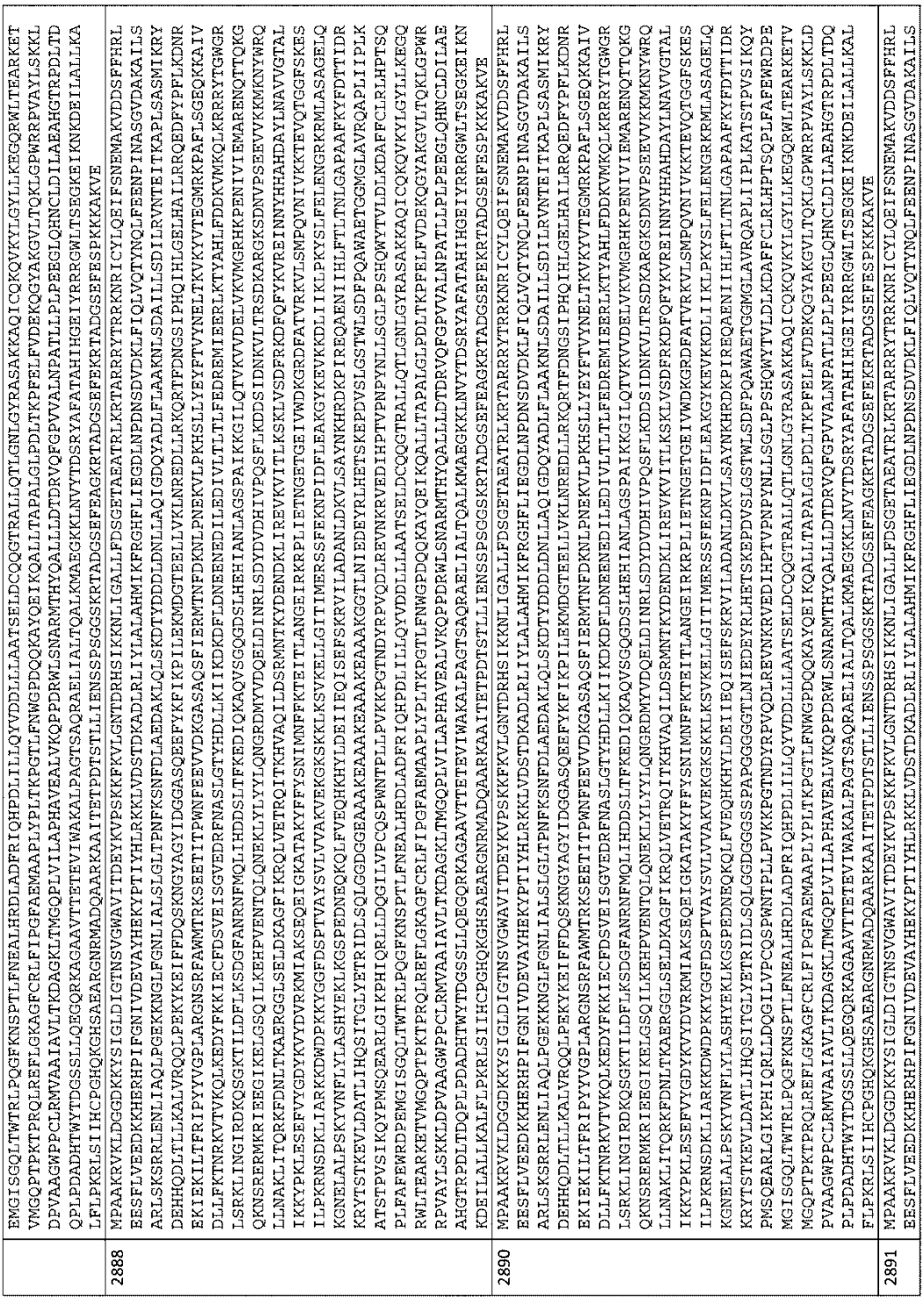
【０８２４】

【表Ａ１－２８２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPKQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2887 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2887 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |

【０８２５】

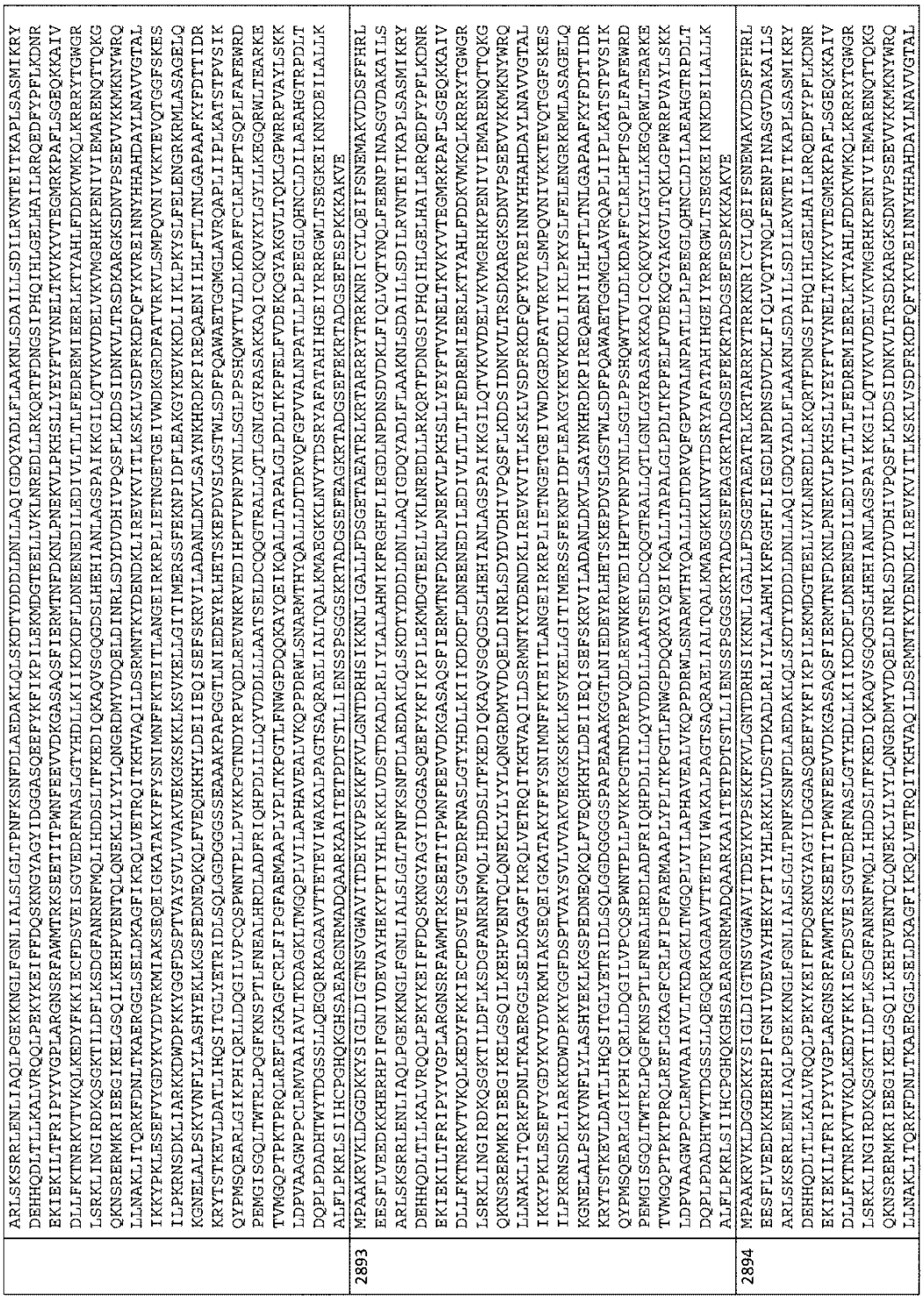
【表Ａ１－２８３】



| | |
|---|---|
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2888 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2890 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALI |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2891 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８２６】

【表Ａ１－２８４】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2893 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

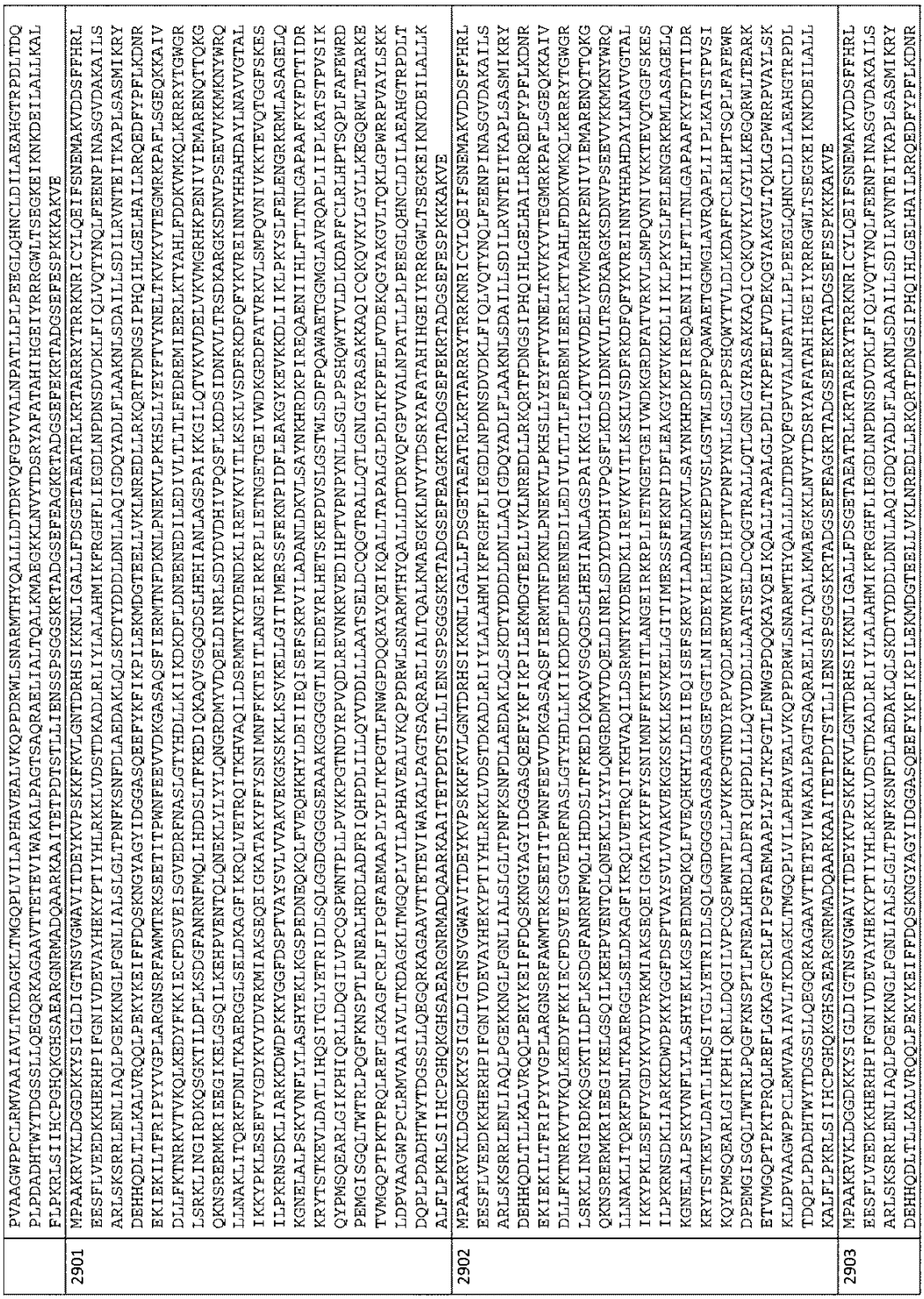
【０８２７】

【表Ａ１－２８５】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEPSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2895 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEPSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2895 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEPSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０８２８】

【表Ａ１－２８６】



| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2901 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2902 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAGKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2903 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８２９】

【表Ａ１－２８７】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2904 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2905 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

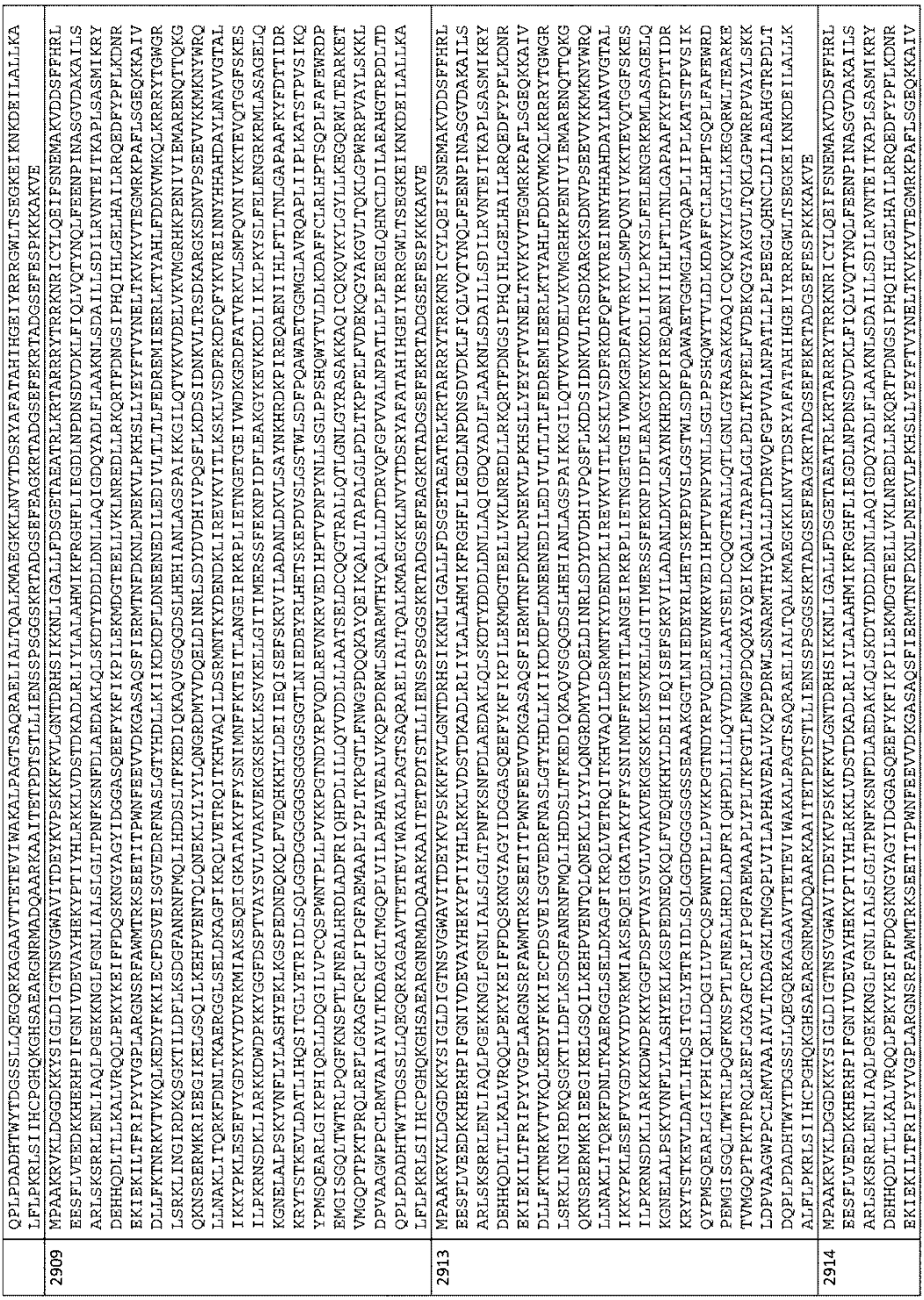
【０８３０】

【表Ａ１－２８８】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2907 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST |
| | PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFA |
| | FEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT |
| | EARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGT |
| | RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI |
| | LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2909 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |

【０８３１】

【表Ａ１－２８９】



| | |
|---|---|
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2909 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2913 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2914 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８３２】

【表Ａ１－２９０】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2916 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFP |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2920 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８３３】

【表Ａ１－２９１】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2922 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2924 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８３４】

【表Ａ１－２９２】

| | |
|---|---|
| 2927 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>WPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDA<br>DHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKR<br>LSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2928 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQSB<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2929 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

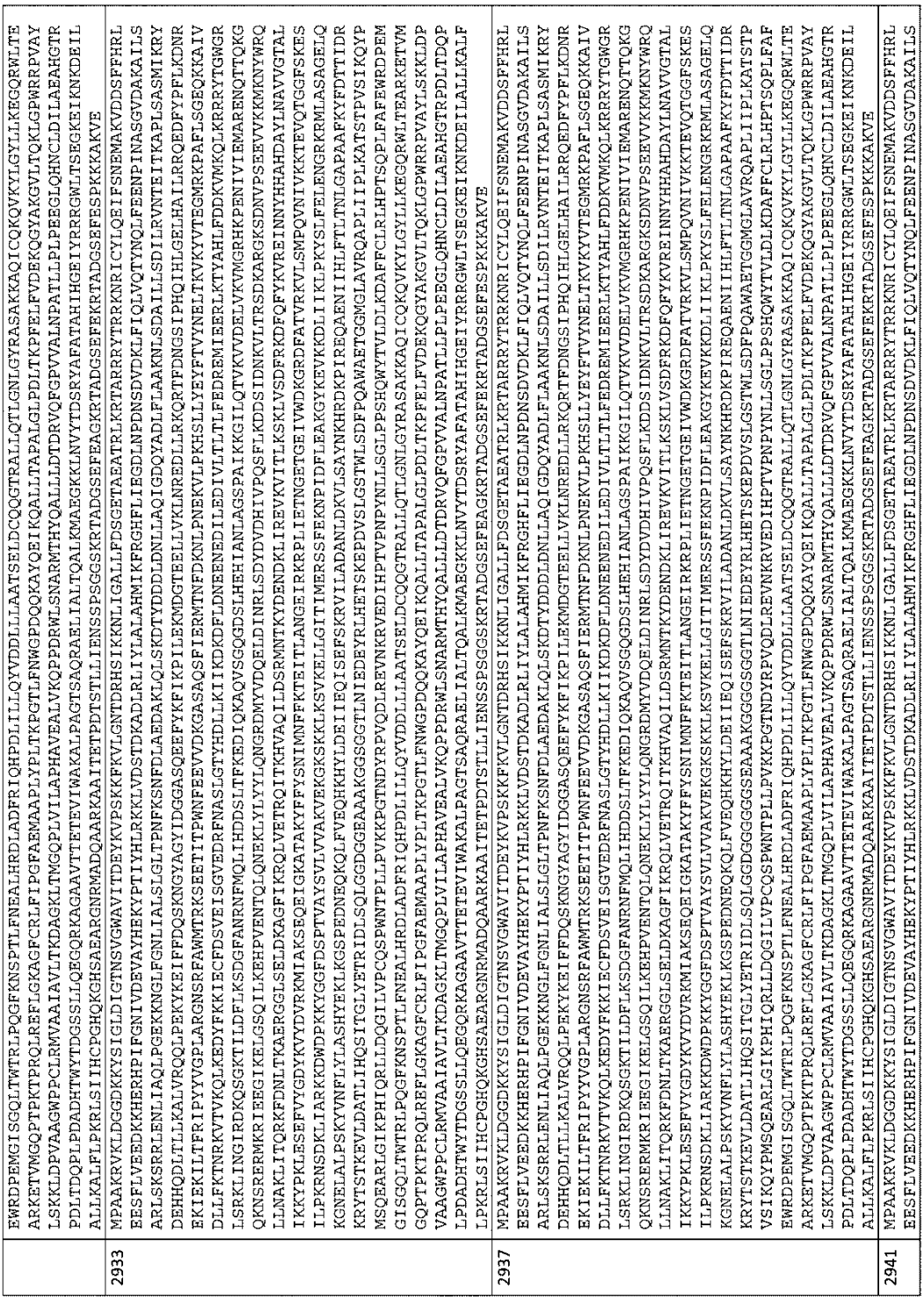
【０８３５】

【表Ａ１－２９３】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLITDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2930 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLITDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2932 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |

【０８３６】

【表Ａ１－２９４】



| | |
|---|---|
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2933 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2937 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2941 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８３７】

【表Ａ１－２９５】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTS |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2943 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGSGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH |
| | GTRPDLITDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2948 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

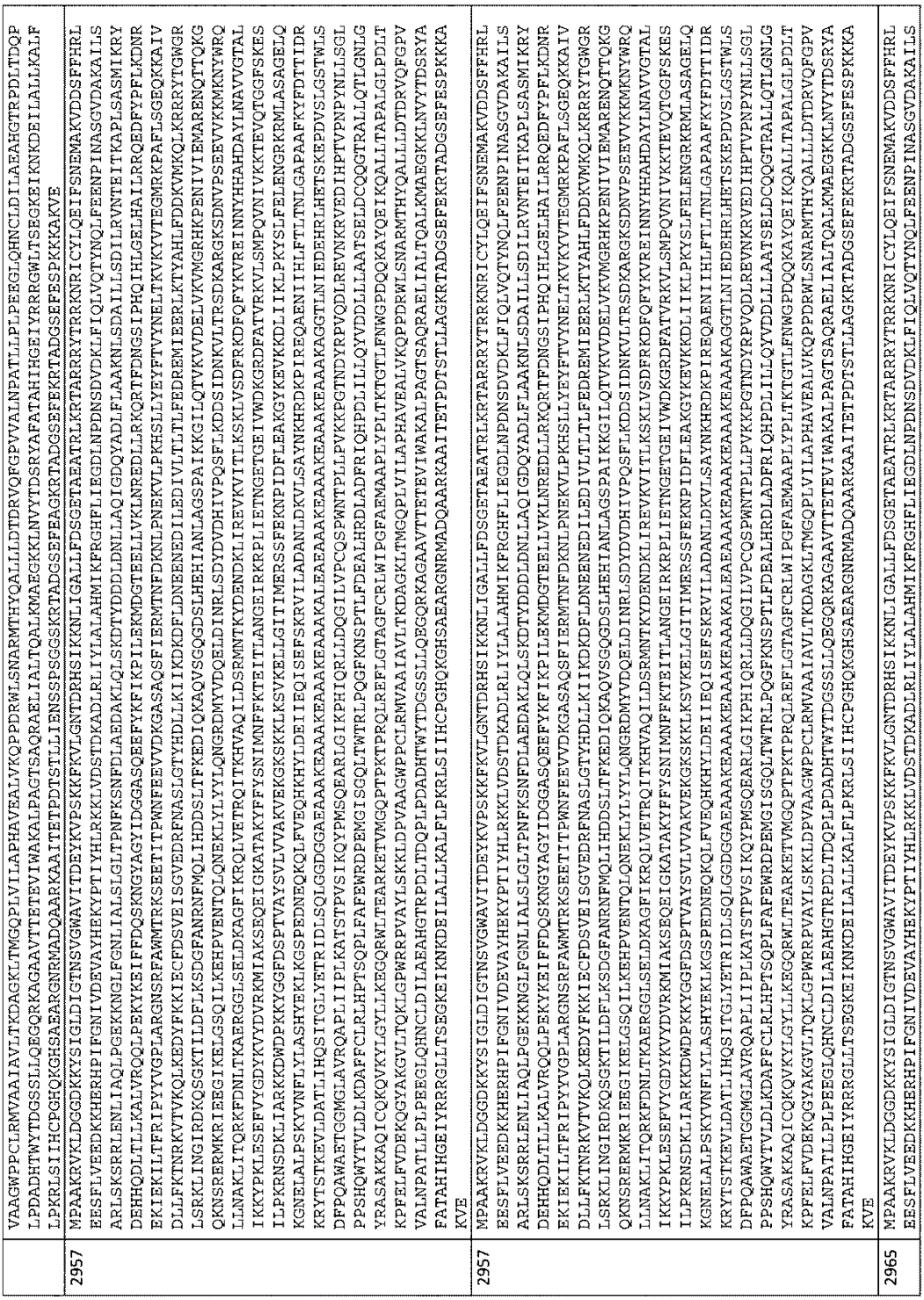
【０８３８】

【表Ａ１－２９６】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2950 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2953 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |

【０８３９】

【表Ａ１－２９７】



| | |
|---|---|
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP<br>LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2957 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS<br>DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL<br>PPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG<br>YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT<br>KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV<br>VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA<br>FATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKA<br>KVE |
| 2957 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS<br>DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL<br>PPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG<br>YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT<br>KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV<br>VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA<br>FATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKA<br>KVE |
| 2965 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８４０】

【表Ａ１－２９８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEAIVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2966 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

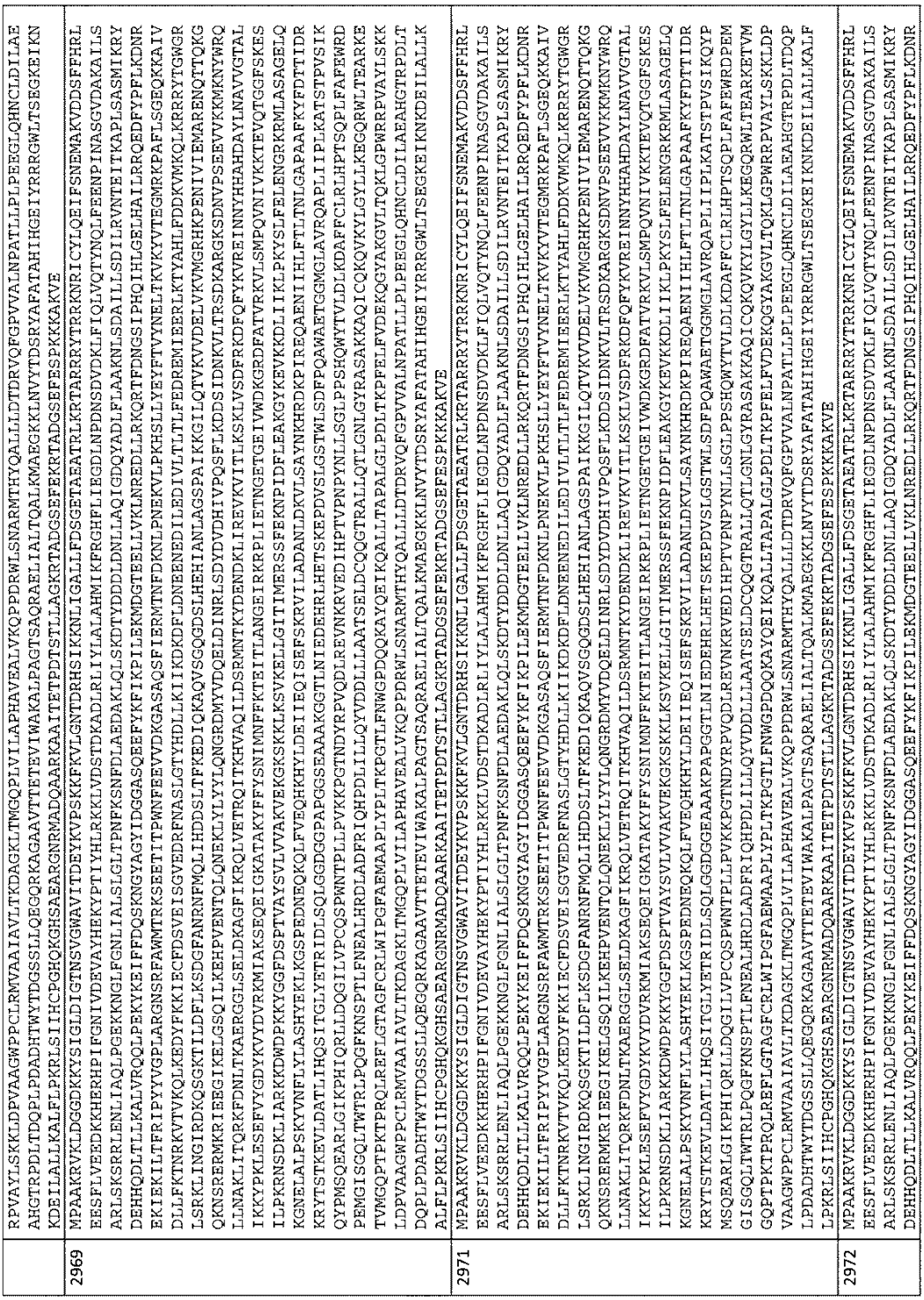
【０８４１】

【表Ａ１－２９９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITTLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2967 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2968 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGSGGGSGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |

【０８４２】

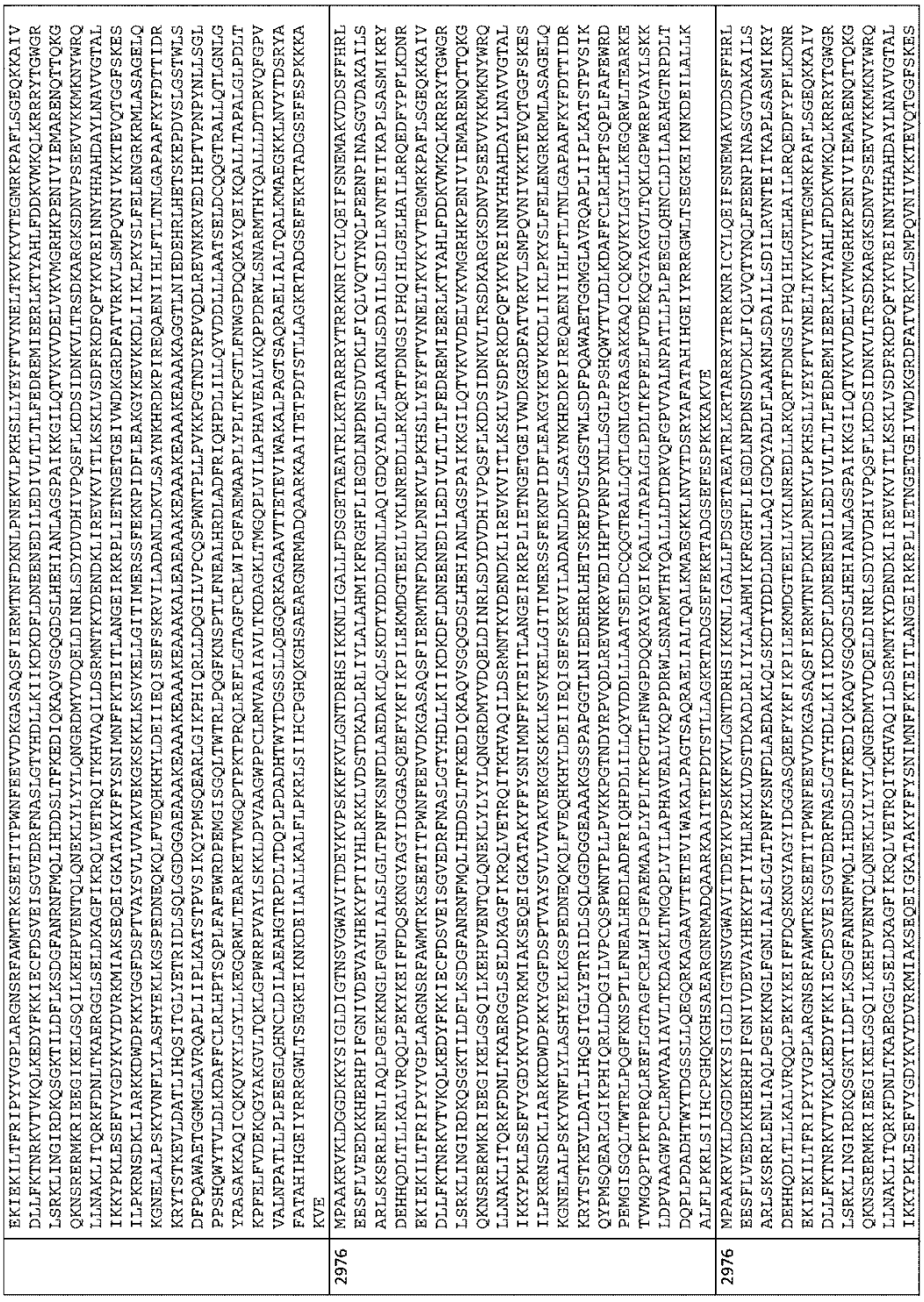
【表Ａ１－３００】



| | |
|---|---|
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTWGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2969 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2971 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2972 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８４３】

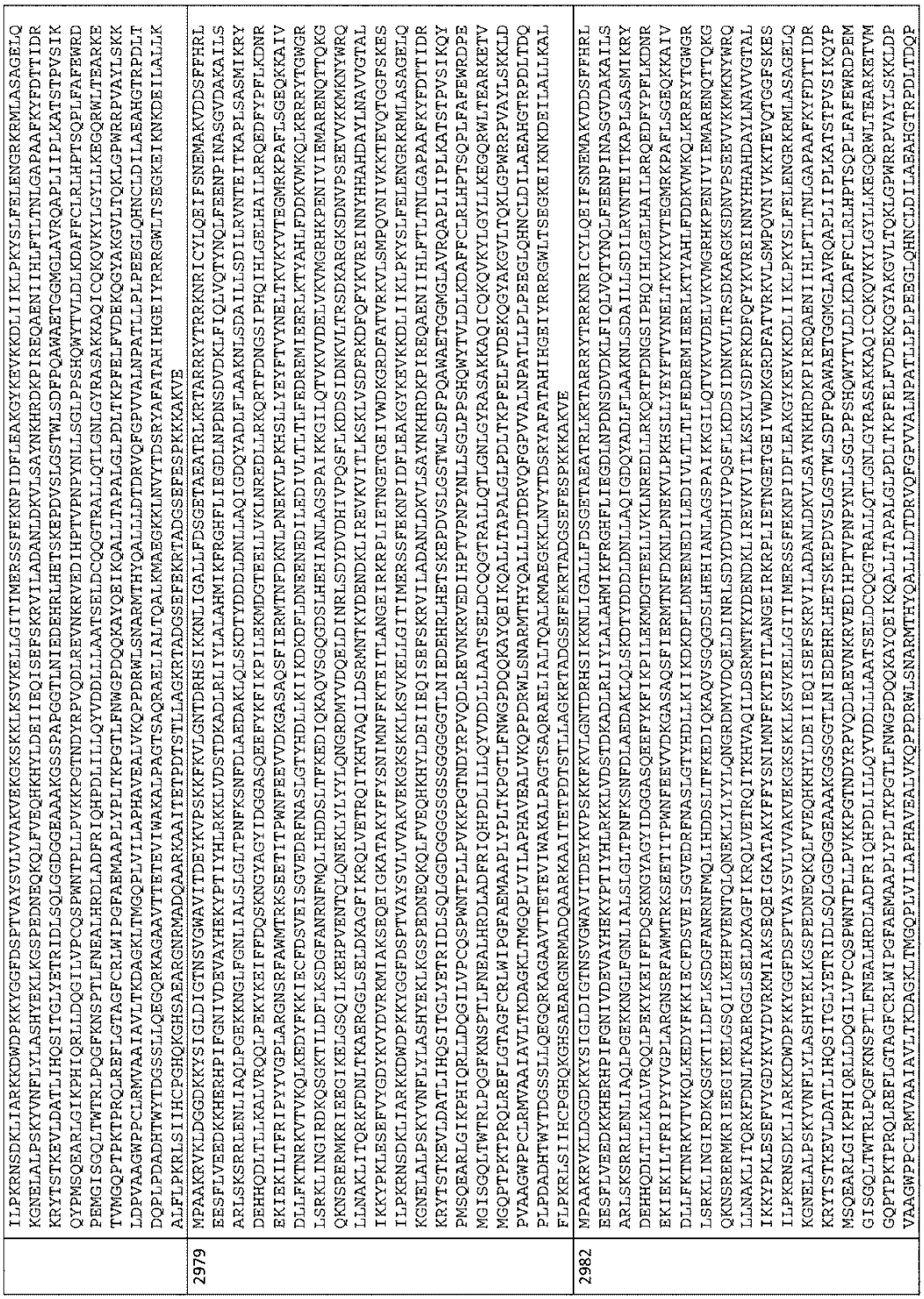
【表Ａ１－３０１】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS<br>DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL<br>PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG<br>YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT<br>KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE<br>KVE |
| 2976 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2976 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |

【０８４４】

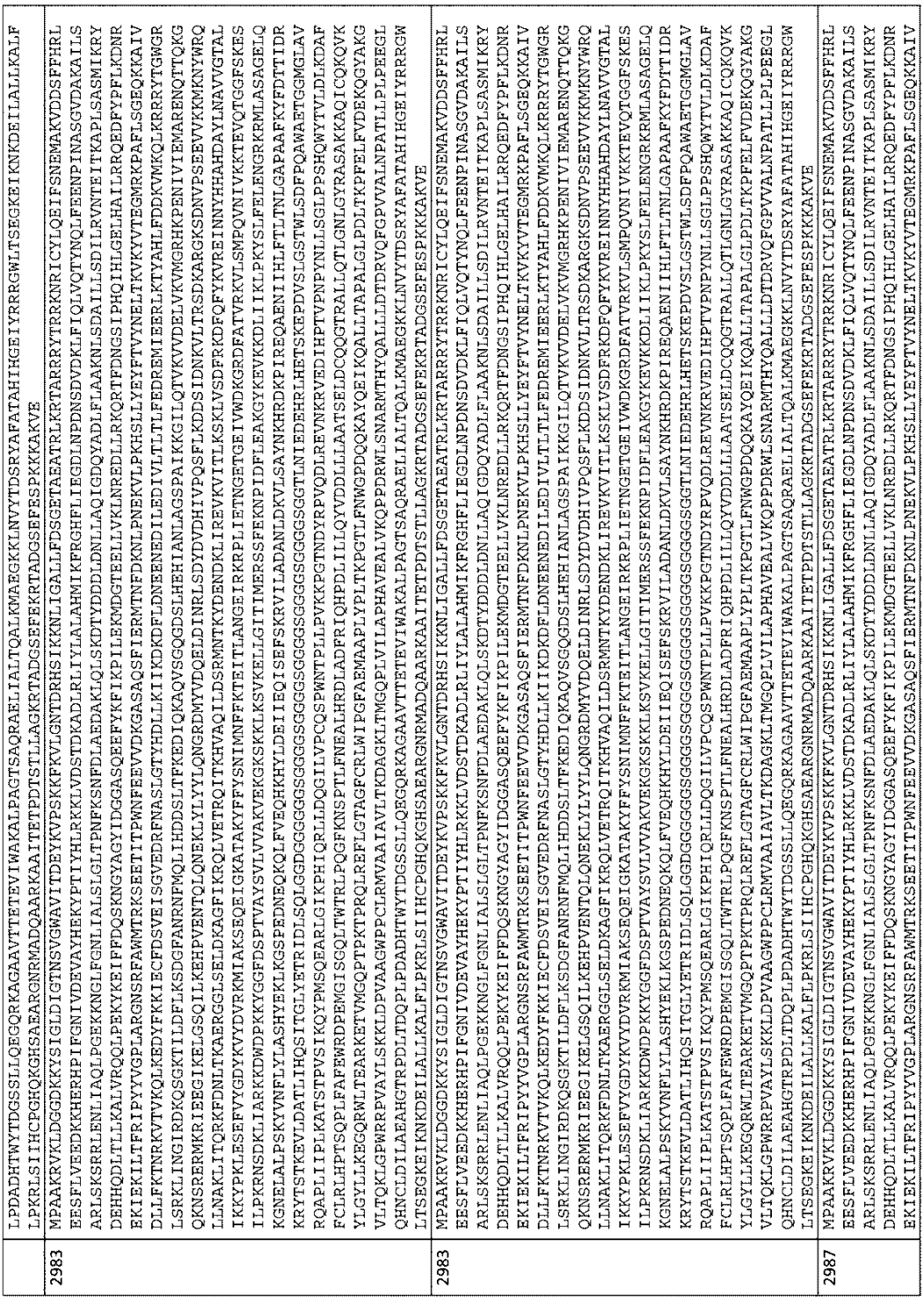
【表Ａ１－３０２】



| | |
|---|---|
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2979 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2982 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDIADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |

【０８４５】

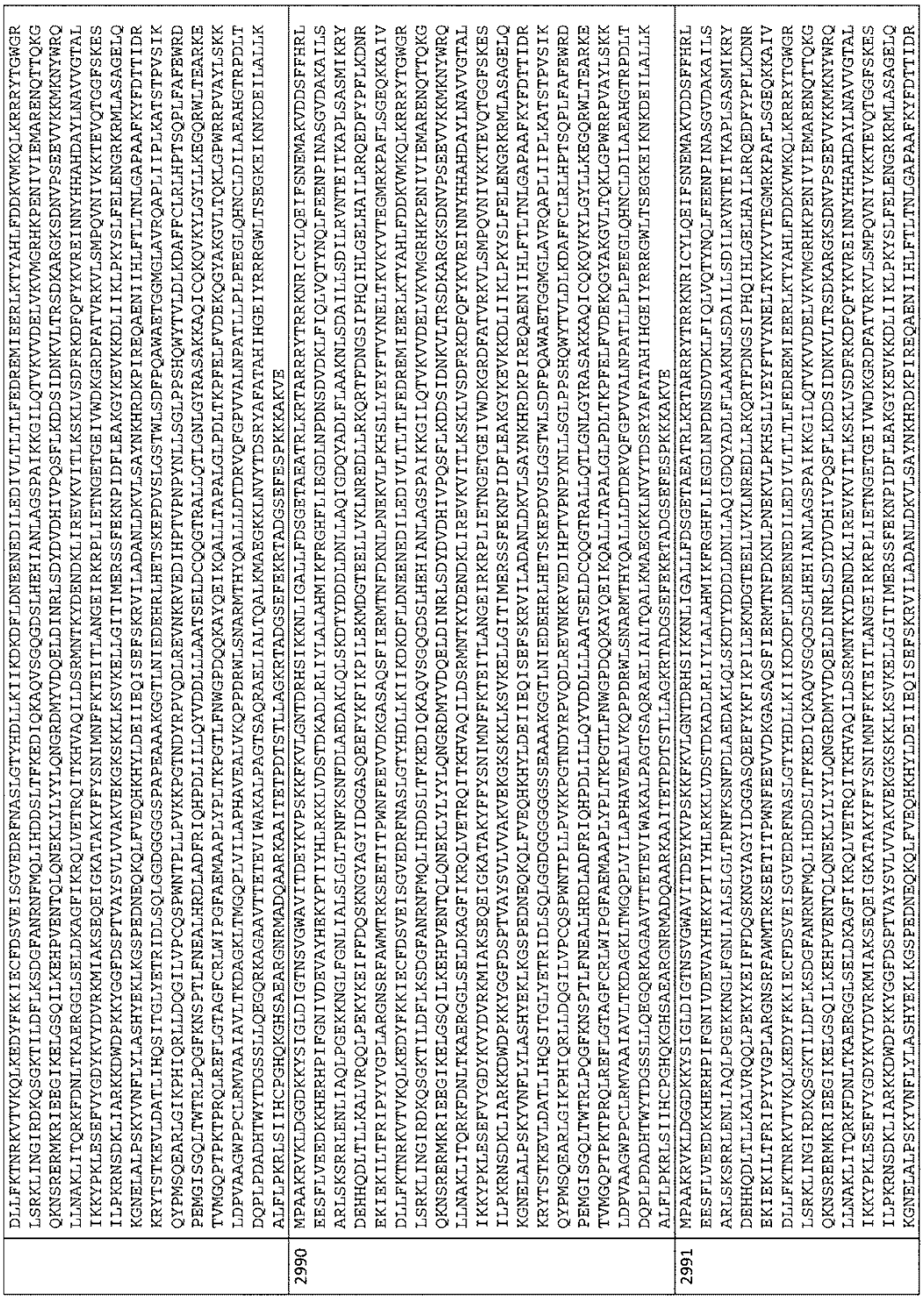
【表Ａ１－３０３】



| | |
|---|---|
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2983 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVVTLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV<br>RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF<br>FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK<br>YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG<br>VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW<br>LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2983 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVVTLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV<br>RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF<br>FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK<br>YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG<br>VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL<br>QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW<br>LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2987 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８４６】

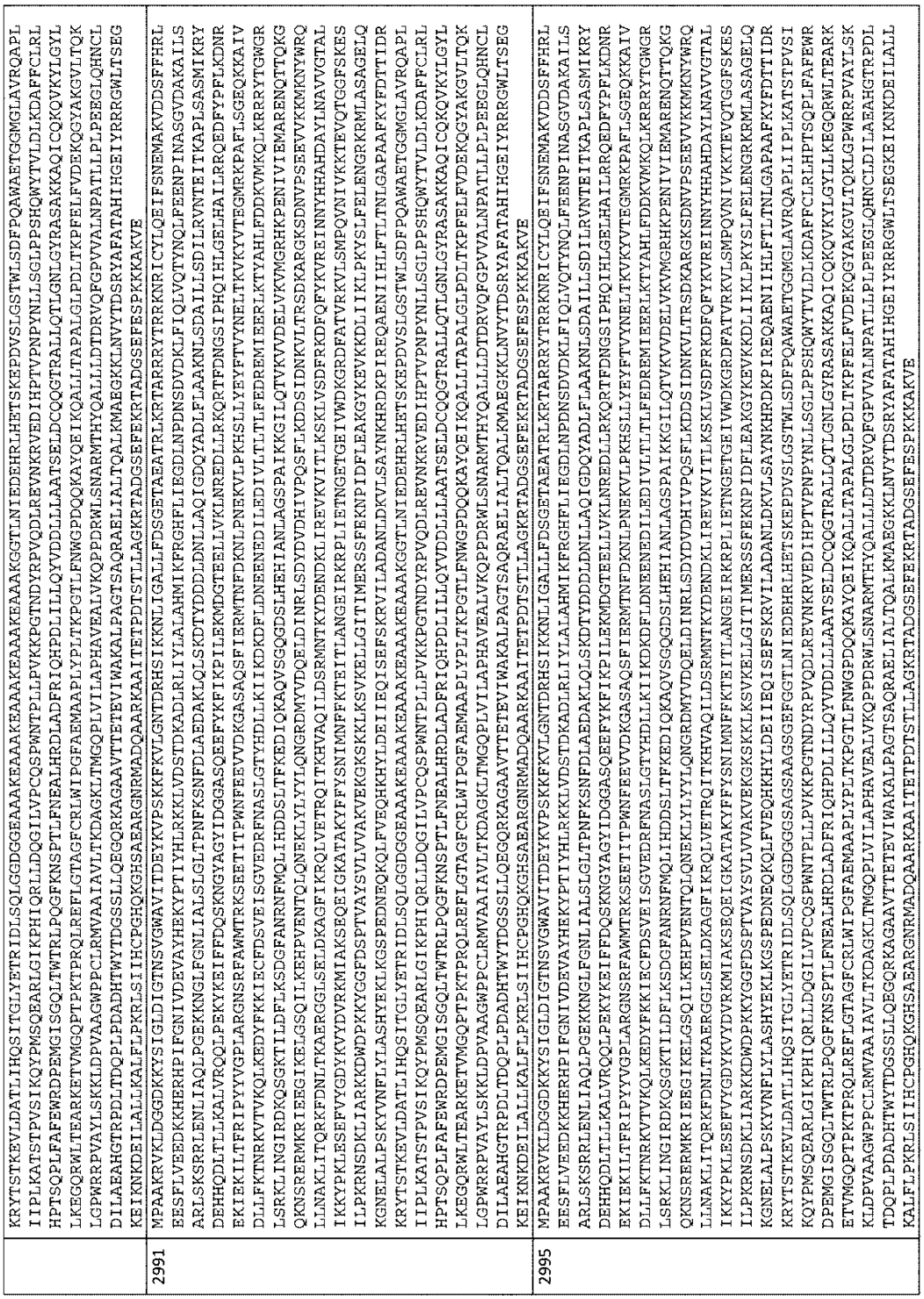
【表Ａ１－３０４】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2990 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2991 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８４７】

【表Ａ１－３０５】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2991 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2995 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSAGSAAGSGBFGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８４８】

【表Ａ１－３０６】

| | |
|---|---|
| 2999 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3007 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3014 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

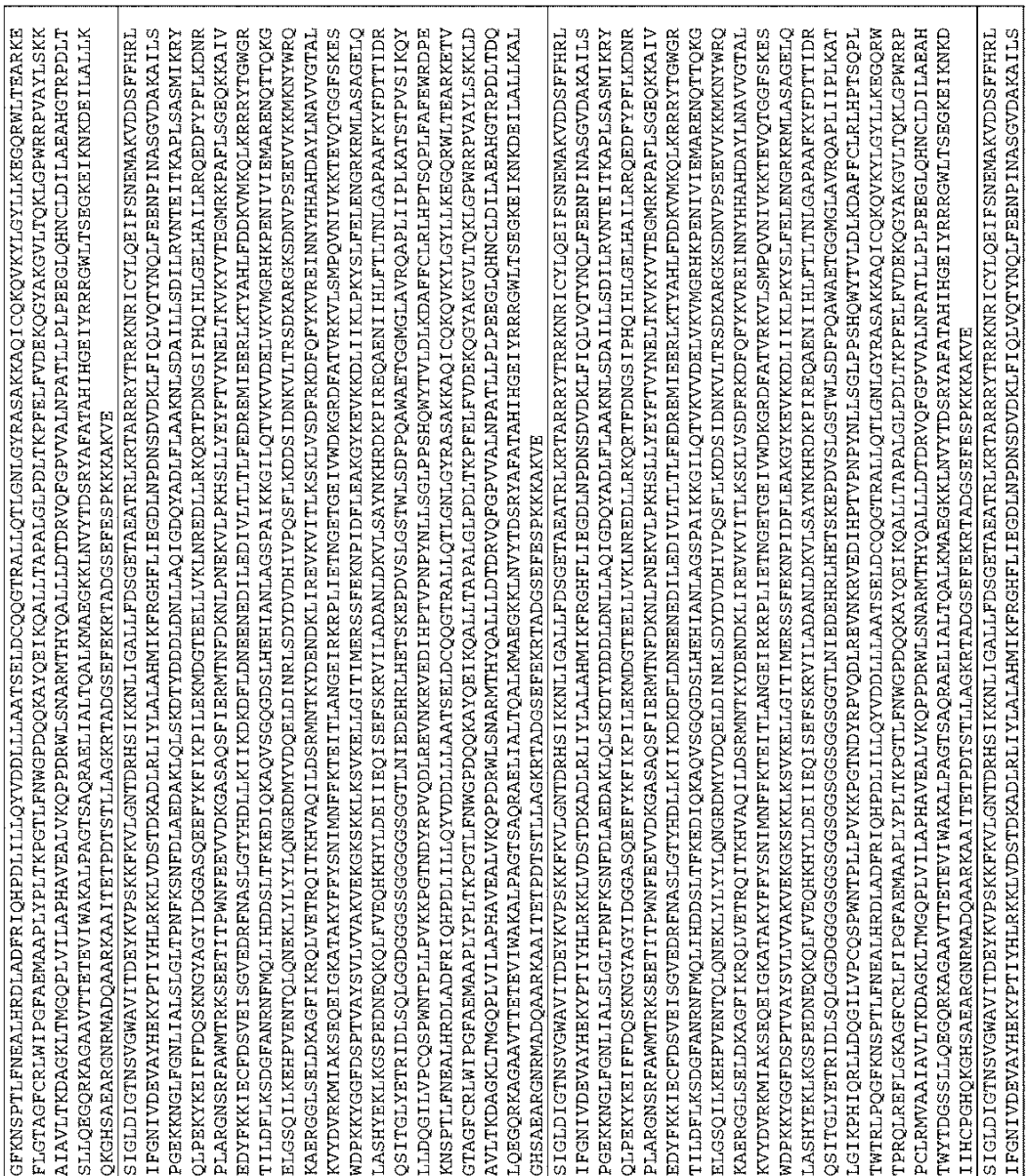
【０８４９】

【表Ａ１－３０７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTQP |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3015 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTQQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3018 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPRSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０８５０】

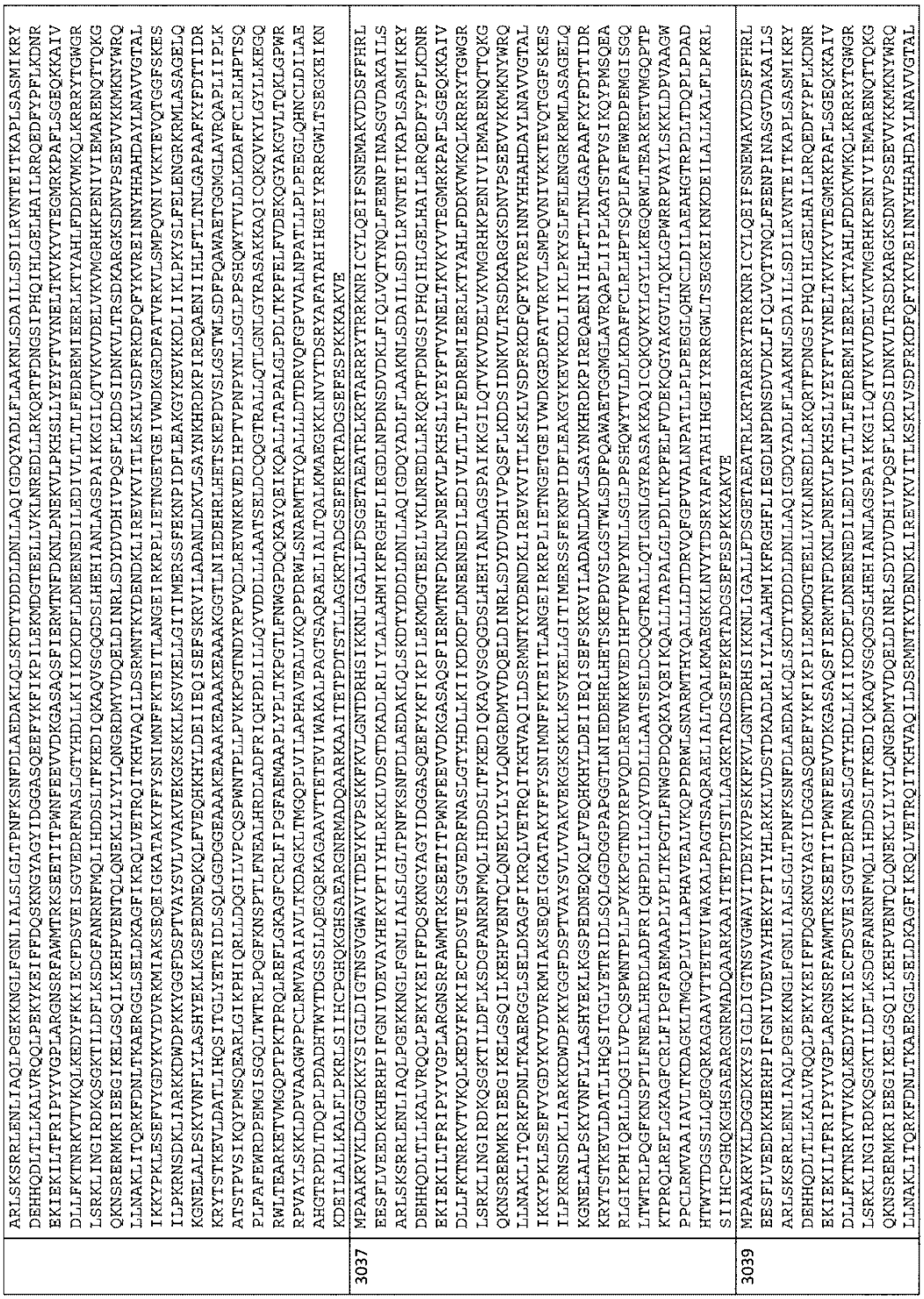
【表Ａ１－３０８】



| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3026 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3035 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH |
| | GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3036 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８５１】

【表Ａ１－３０９】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQSARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLITDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3037 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

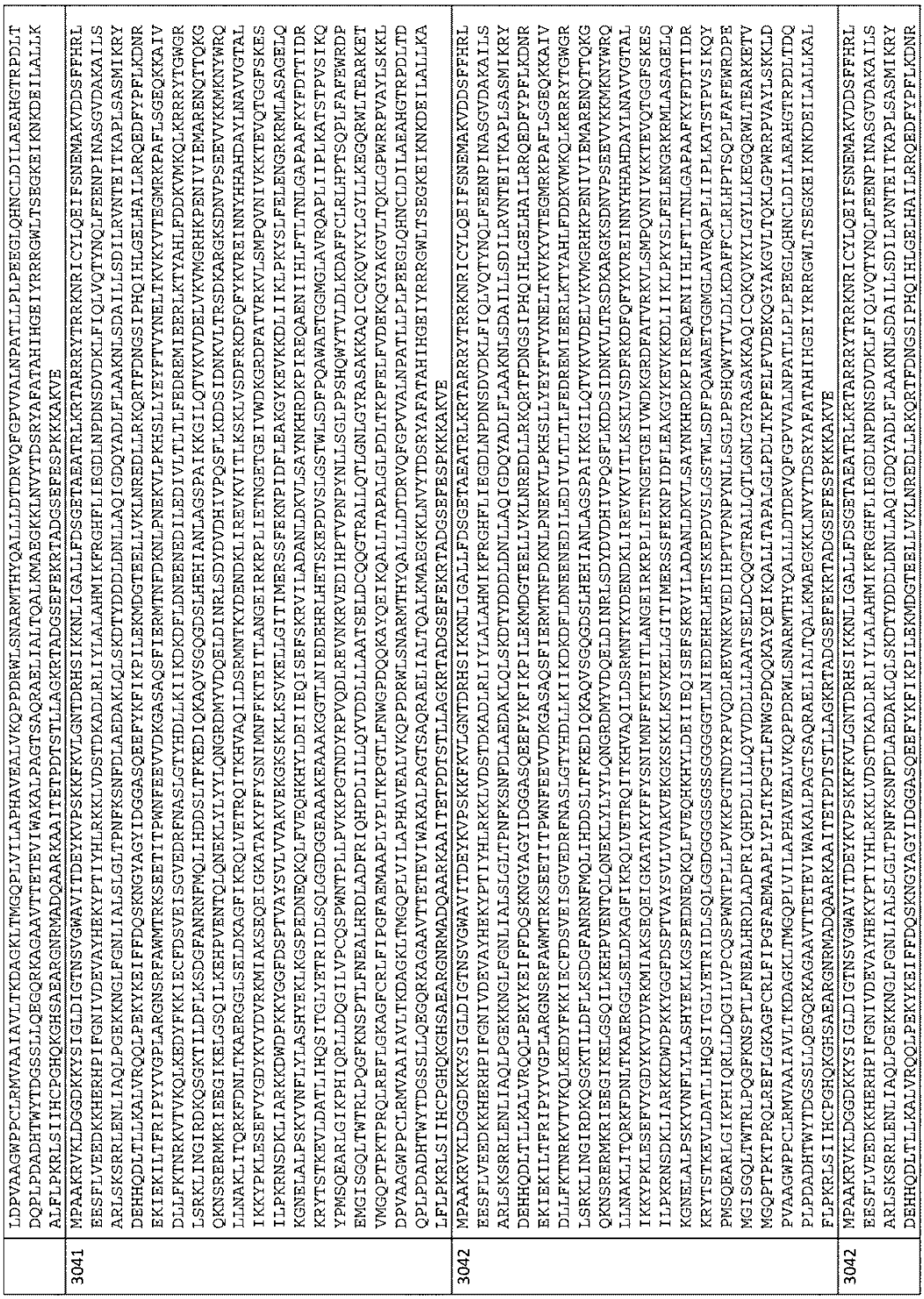
【０８５２】

【表Ａ１－３１０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3039 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3040 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

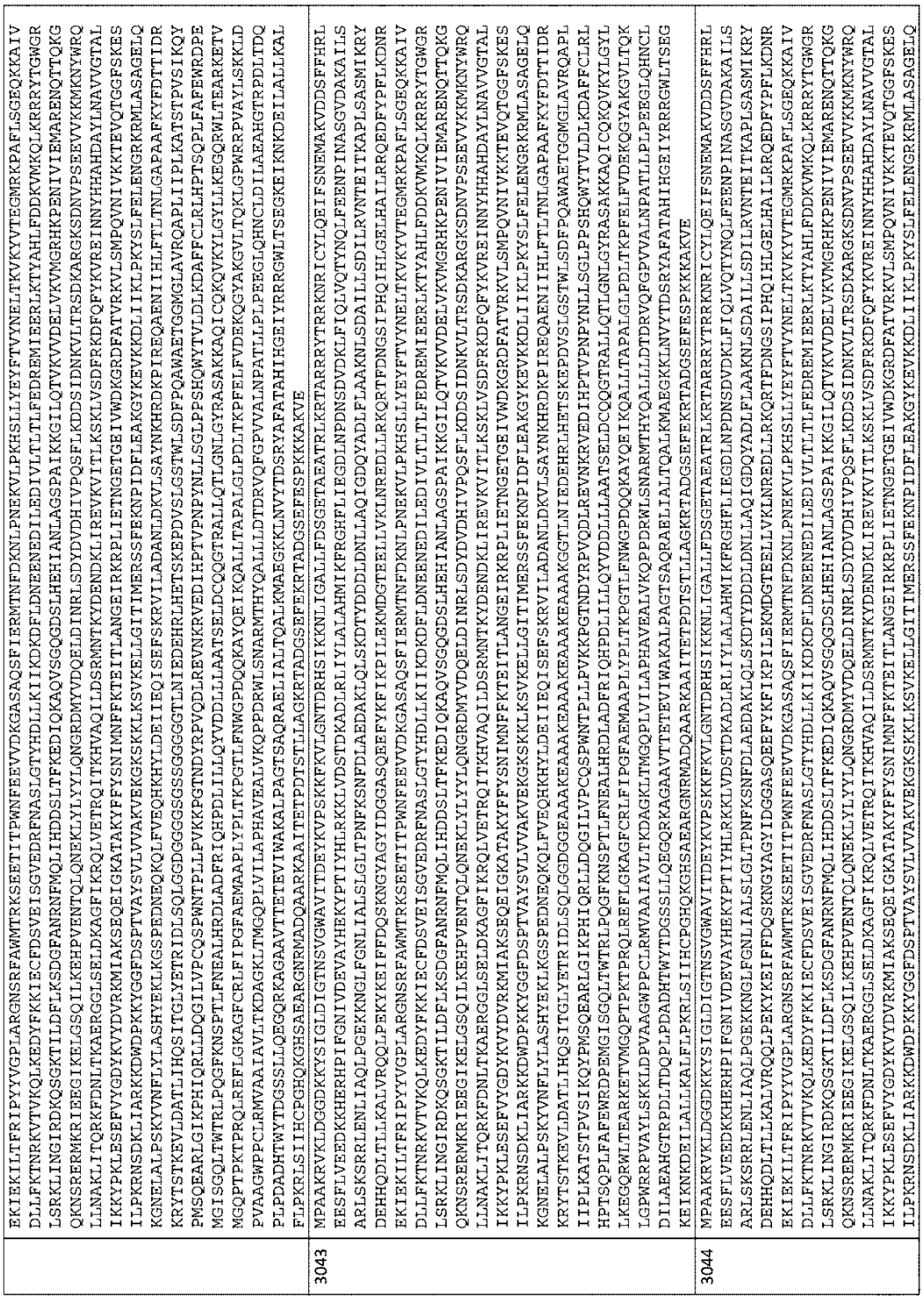
【０８５３】

【表Ａ１－３１１】



【０８５４】

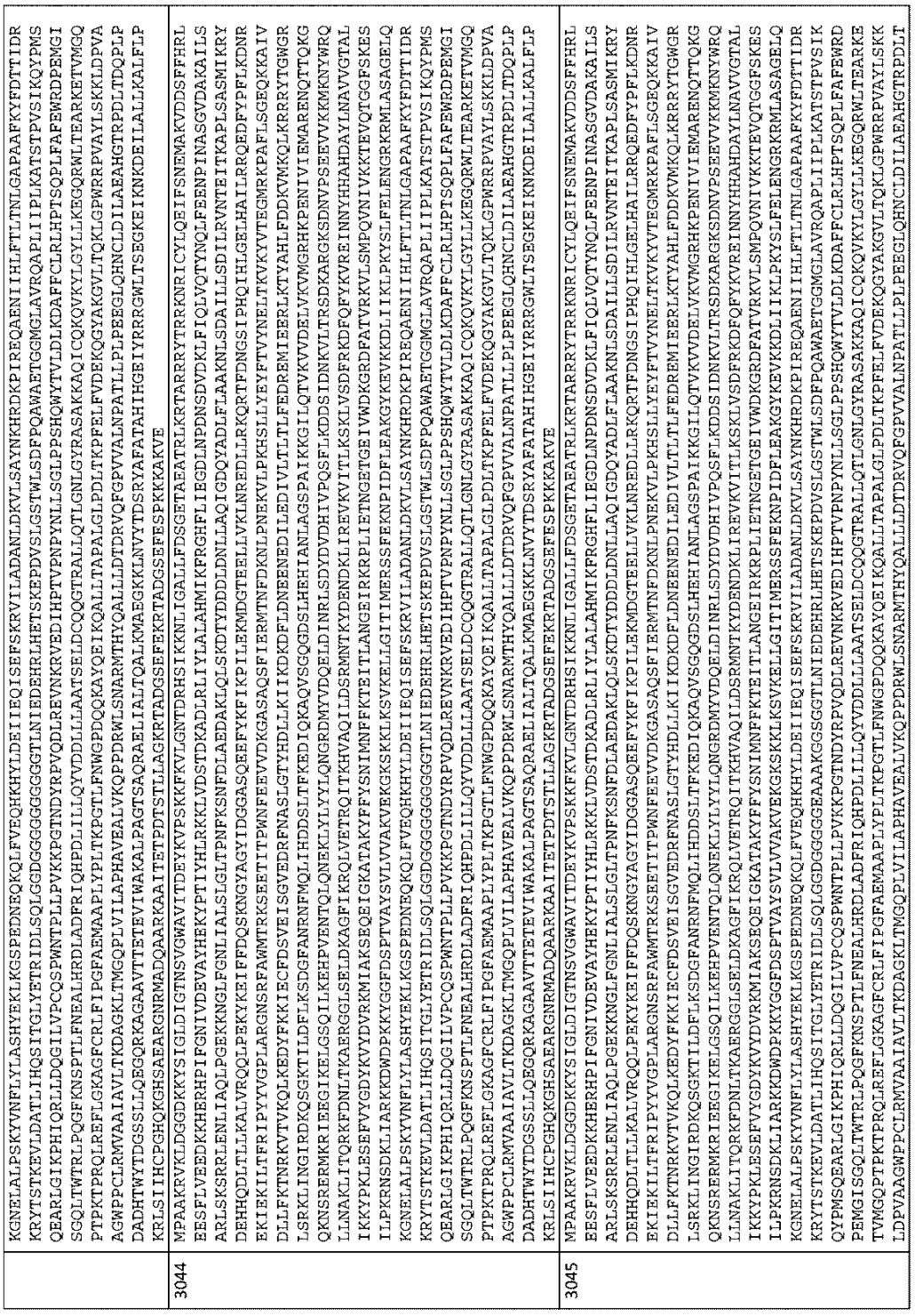
【表Ａ１－３１２】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3043 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3044 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８５５】

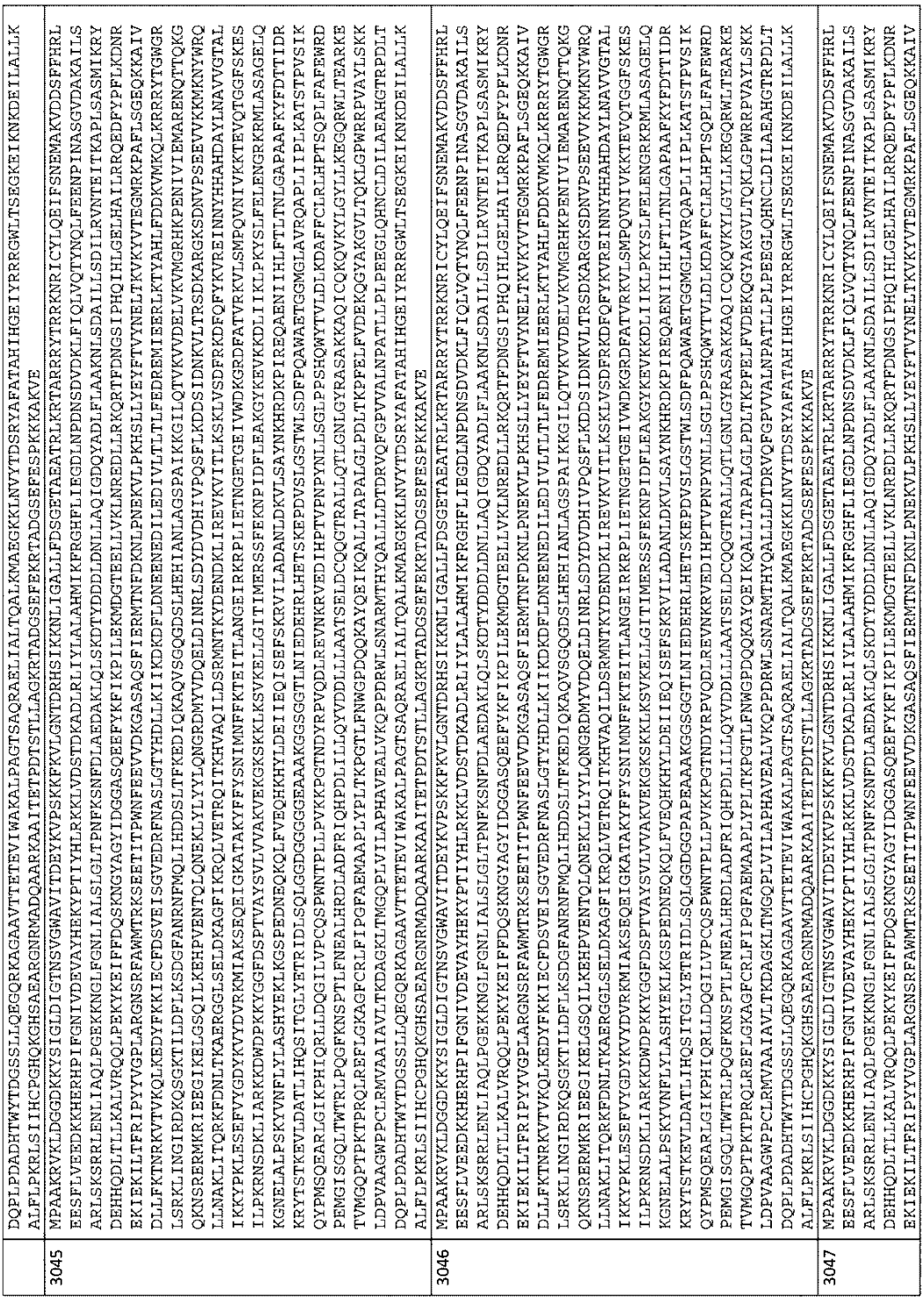
【表Ａ１－３１３】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3044 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3045 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

【０８５６】

【表Ａ１－３１４】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3045 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3046 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3047 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

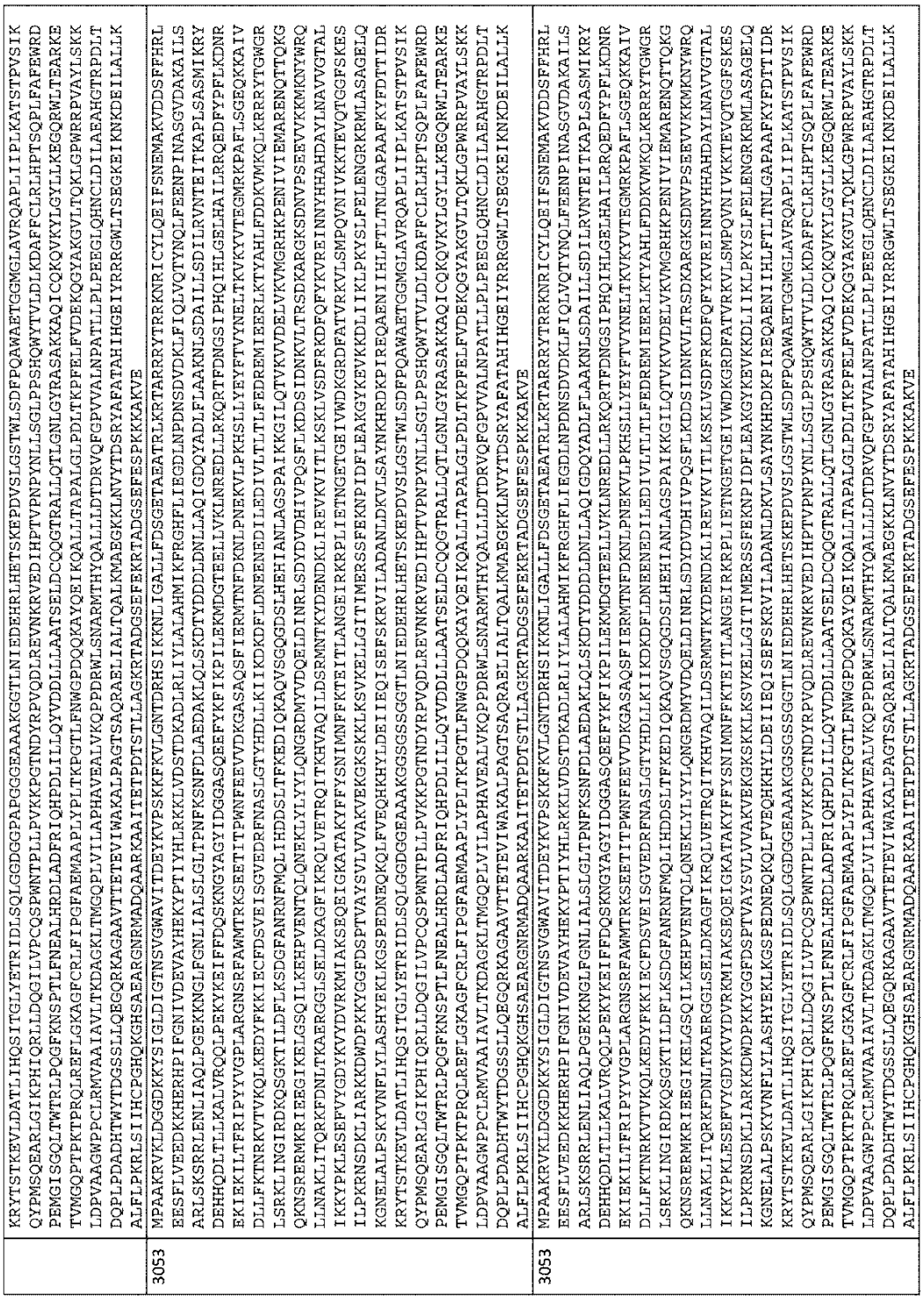
【０８５７】

【表Ａ１－３１５】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3048 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3052 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８５８】

【表Ａ１－３１６】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3053 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

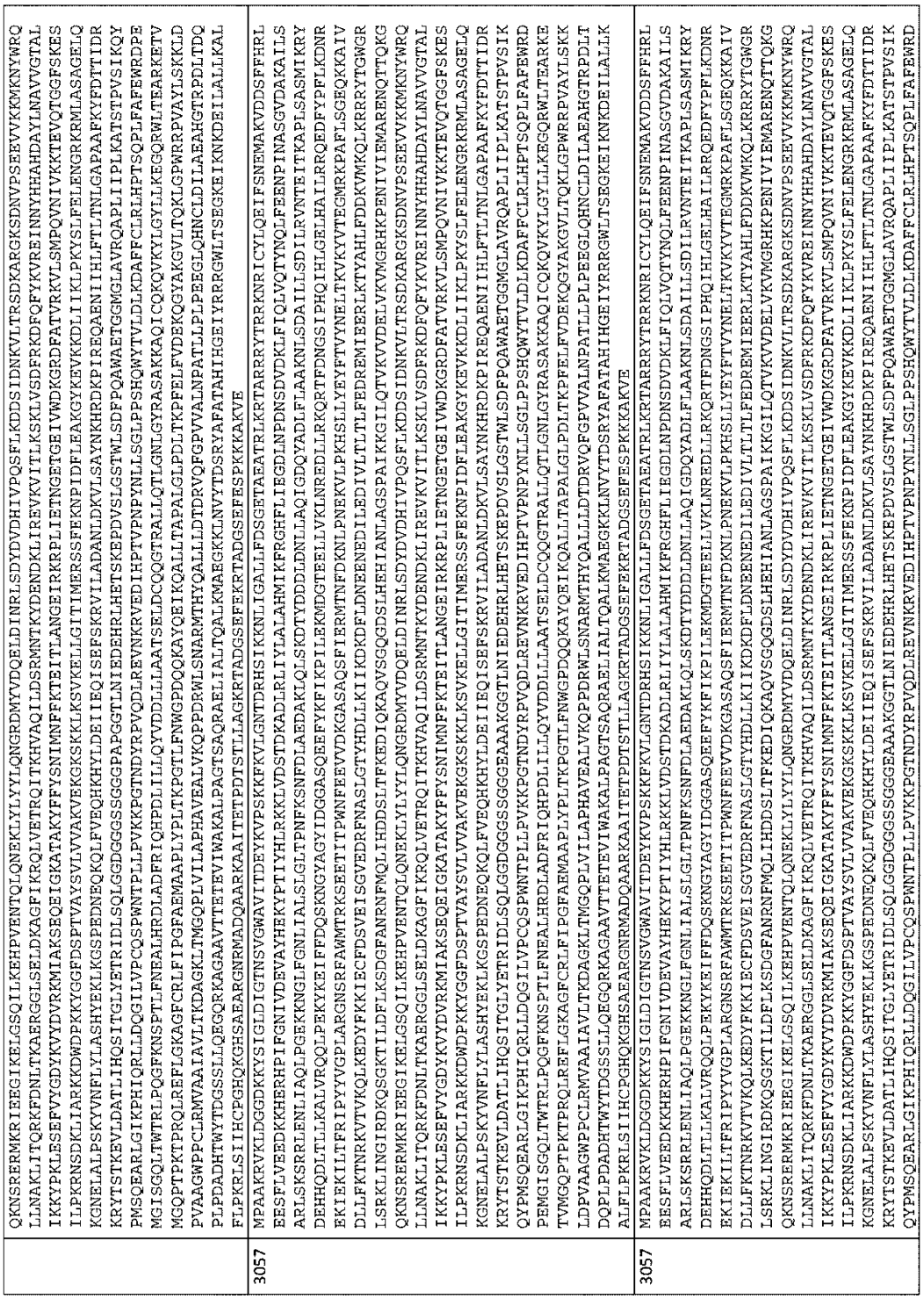
【０８５９】

【表Ａ１－３１７】

| | |
|---|---|
| 3054 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3055 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP<br>DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3056 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８６０】

【表Ａ１－３１８】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3057 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3057 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

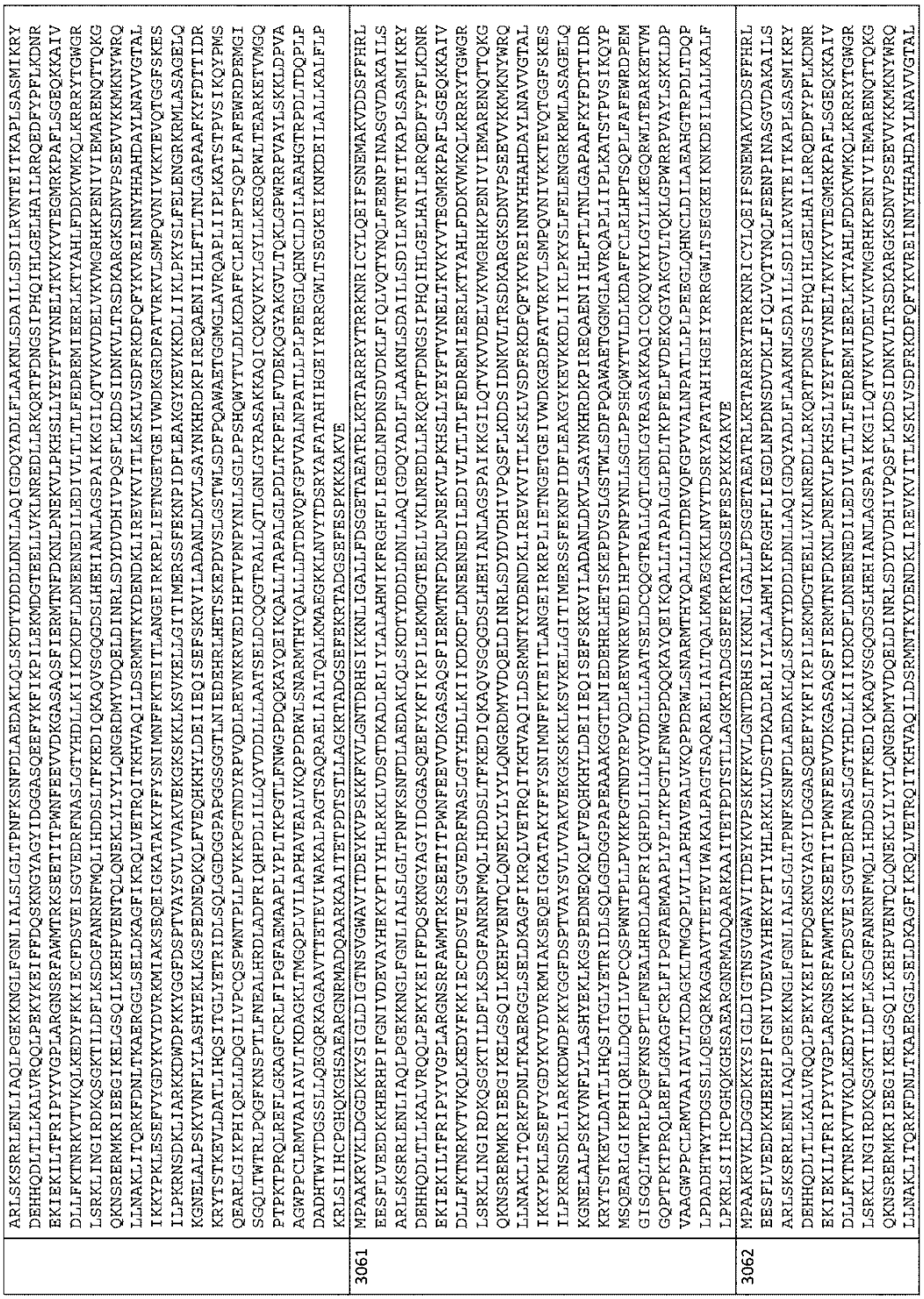
【０８６１】

【表Ａ１－３１９】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3059 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3059 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3060 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８６２】

【表Ａ１－３２０】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3061 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８６３】

【表Ａ１－３２１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3063 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3063 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |

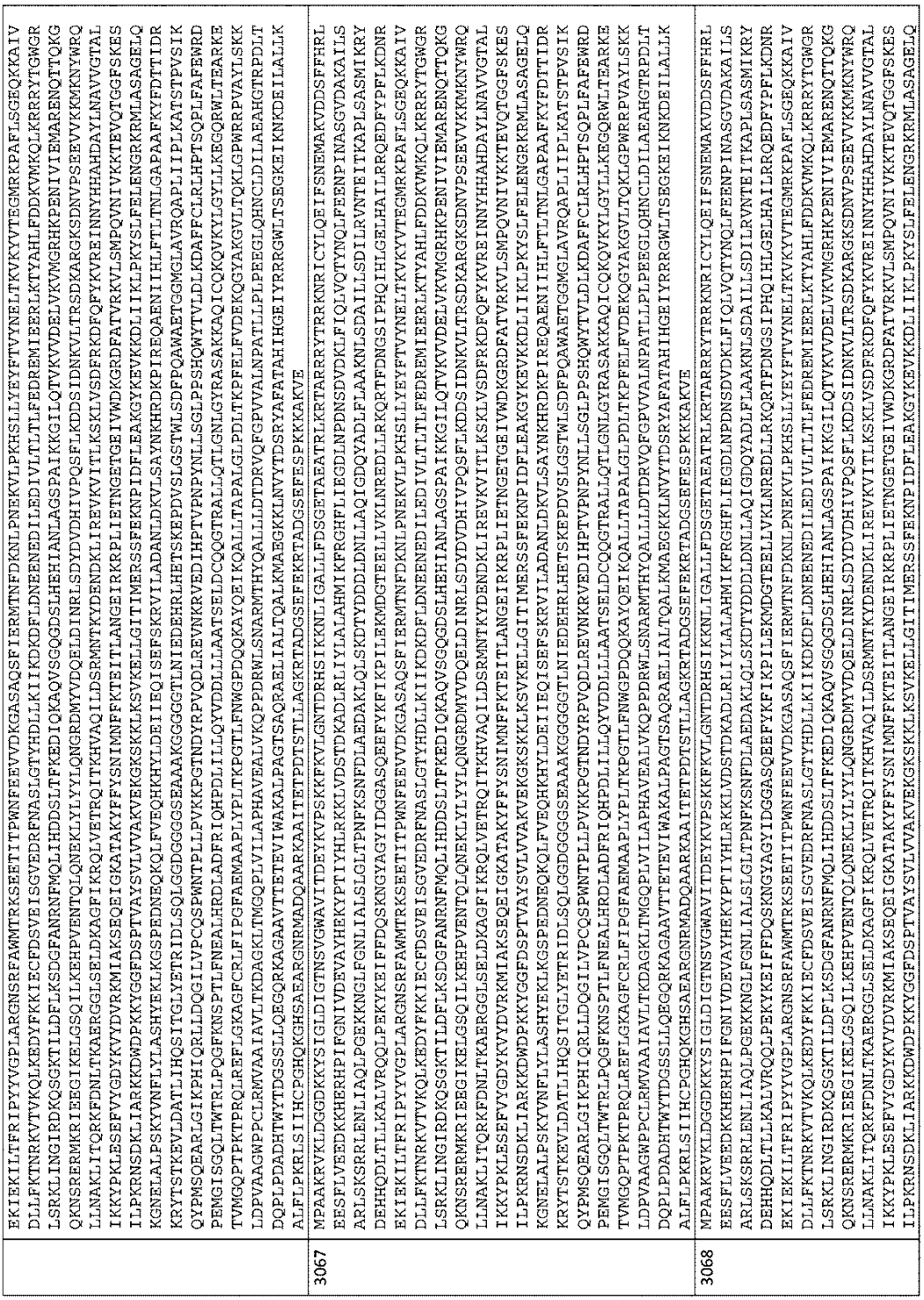
【０８６４】

【表Ａ１－３２２】

| | |
|---|---|
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3064 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3065 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPWSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3067 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８６５】

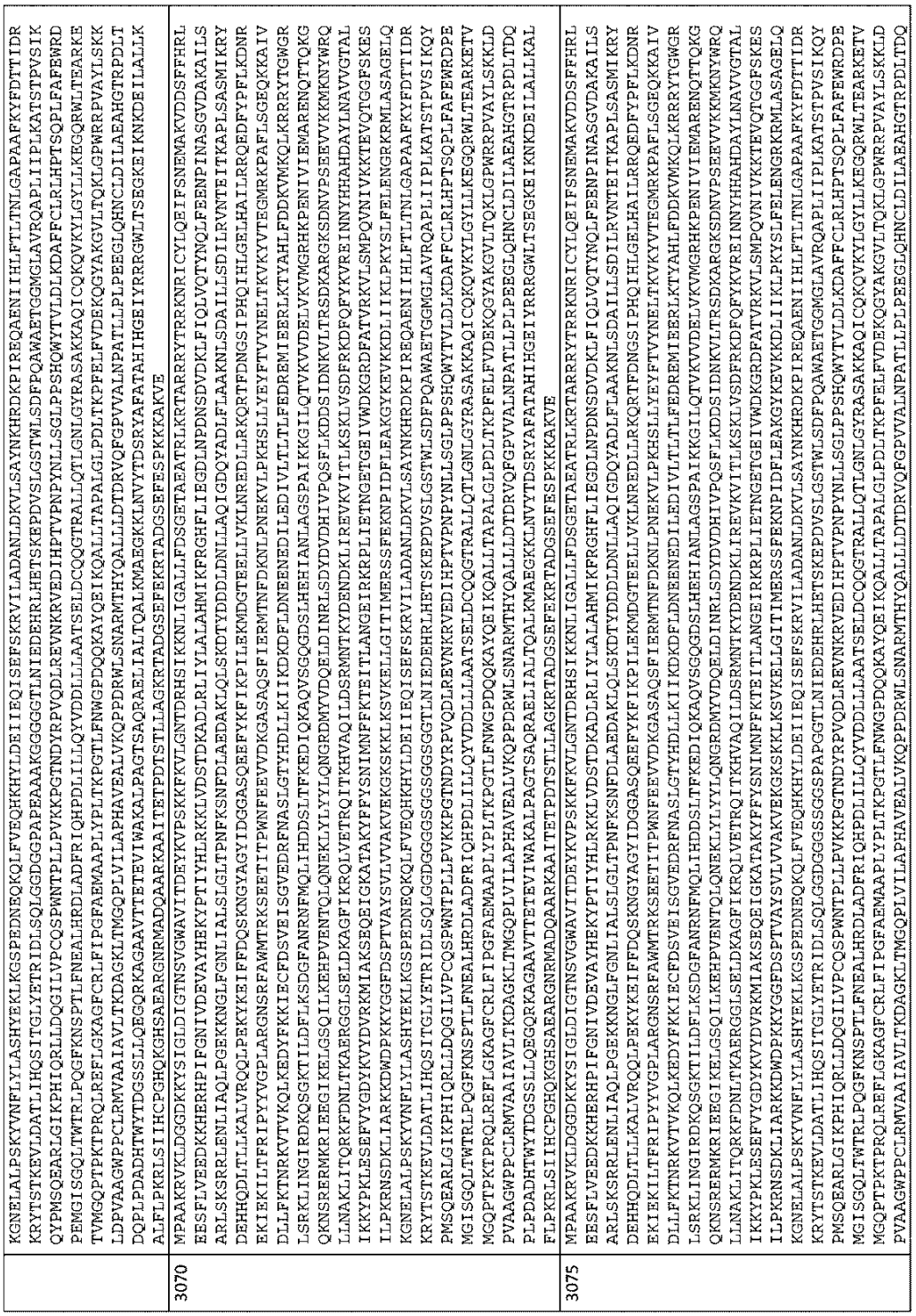
【表Ａ１－３２３】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3067 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| 3068 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８６６】

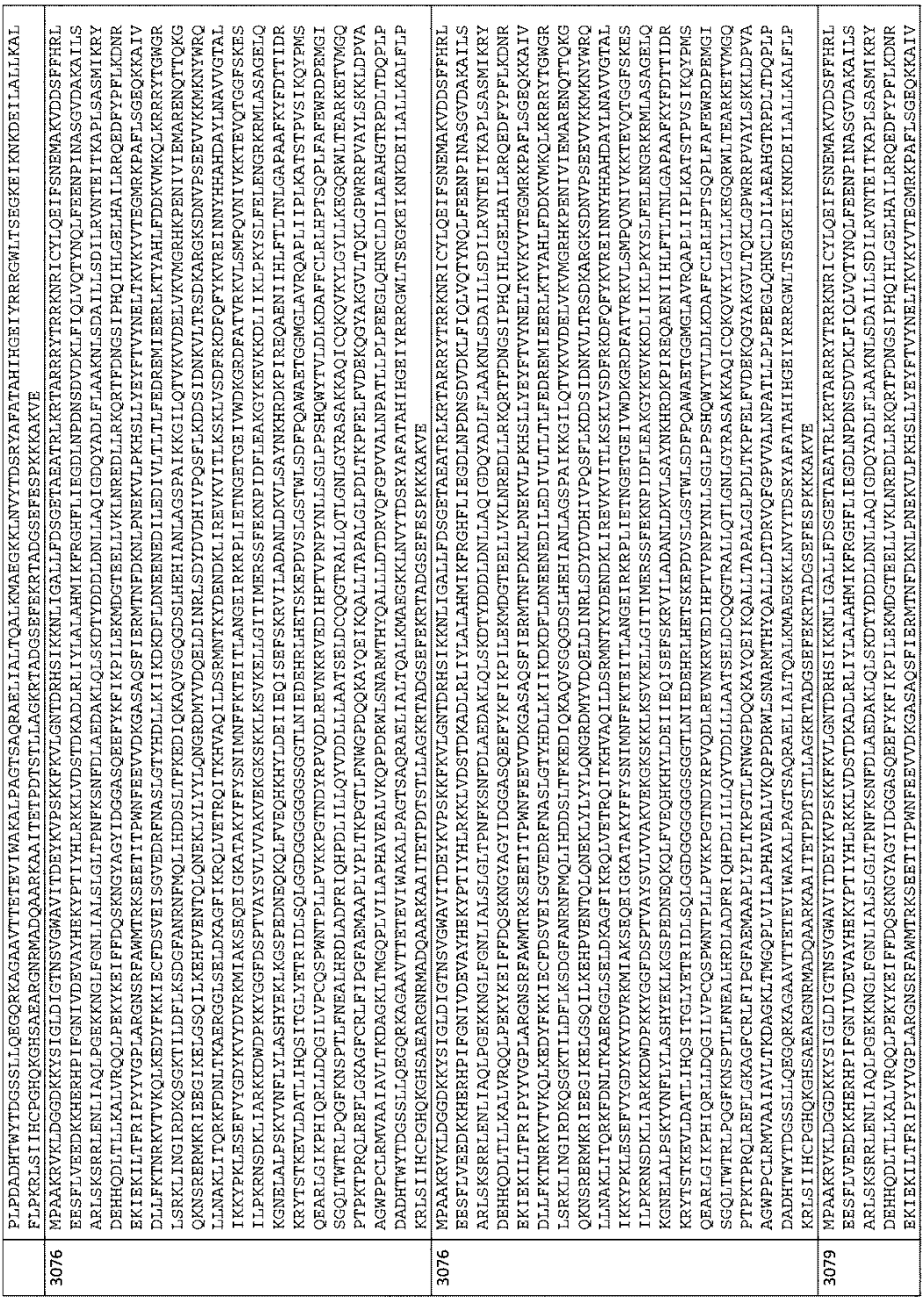
【表Ａ１－３２４】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3070 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3075 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |

【０８６７】

【表Ａ１－３２５】



| | |
|---|---|
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3076 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3076 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3079 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

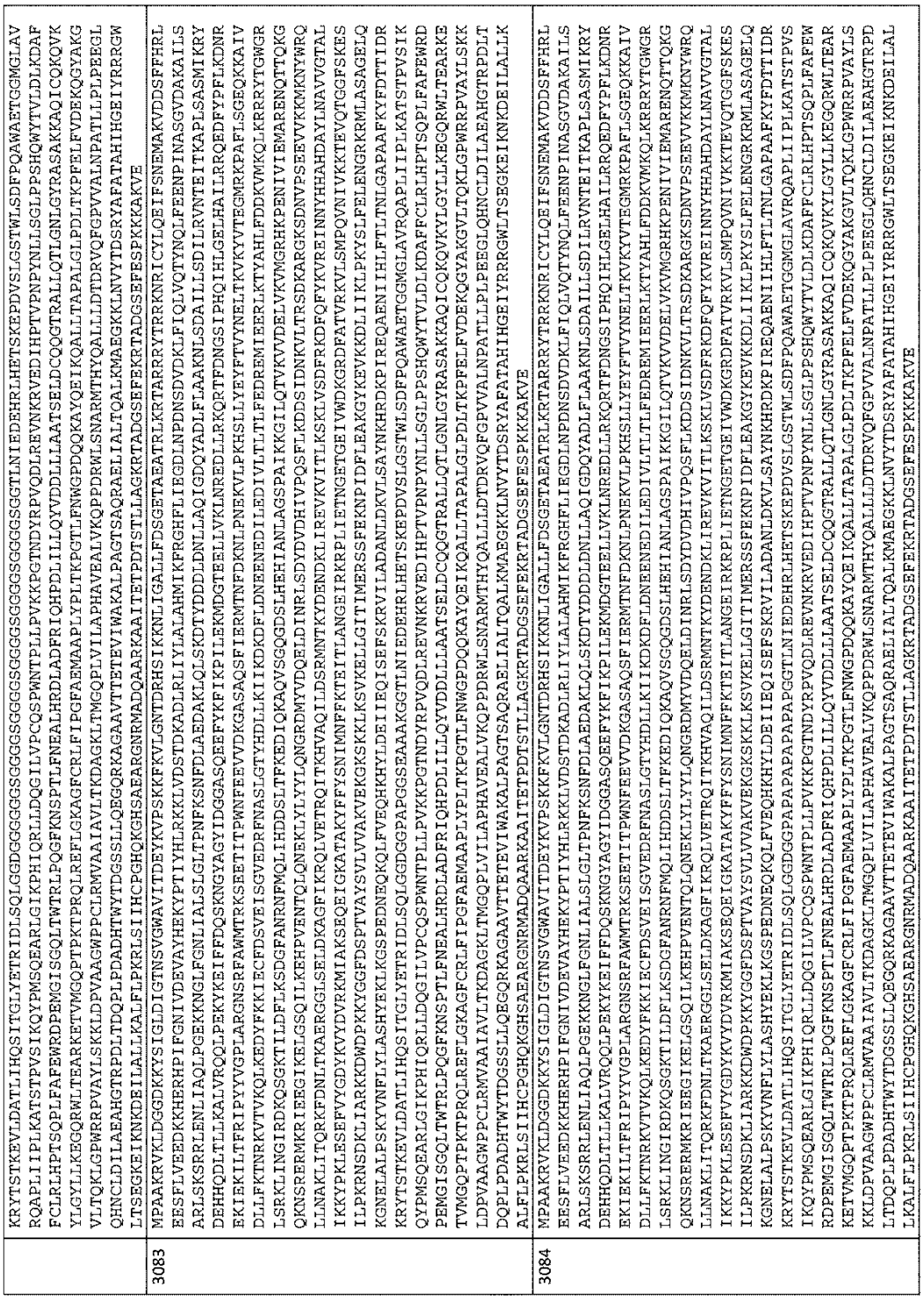
【０８６８】

【表Ａ１－３２６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3080 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3081 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８６９】

【表Ａ１－３２７】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAPEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3083 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3084 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８７０】

【表Ａ１－３２８】

| | |
|---|---|
| 3084 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS<br>IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR<br>RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS<br>KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD<br>LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL<br>LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3085 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８７１】

【表Ａ１－３２９】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLIT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3086 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLITDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3087 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |

【０８７２】

【表Ａ１－３３０】

| | |
|---|---|
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3087 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3088 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3089 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

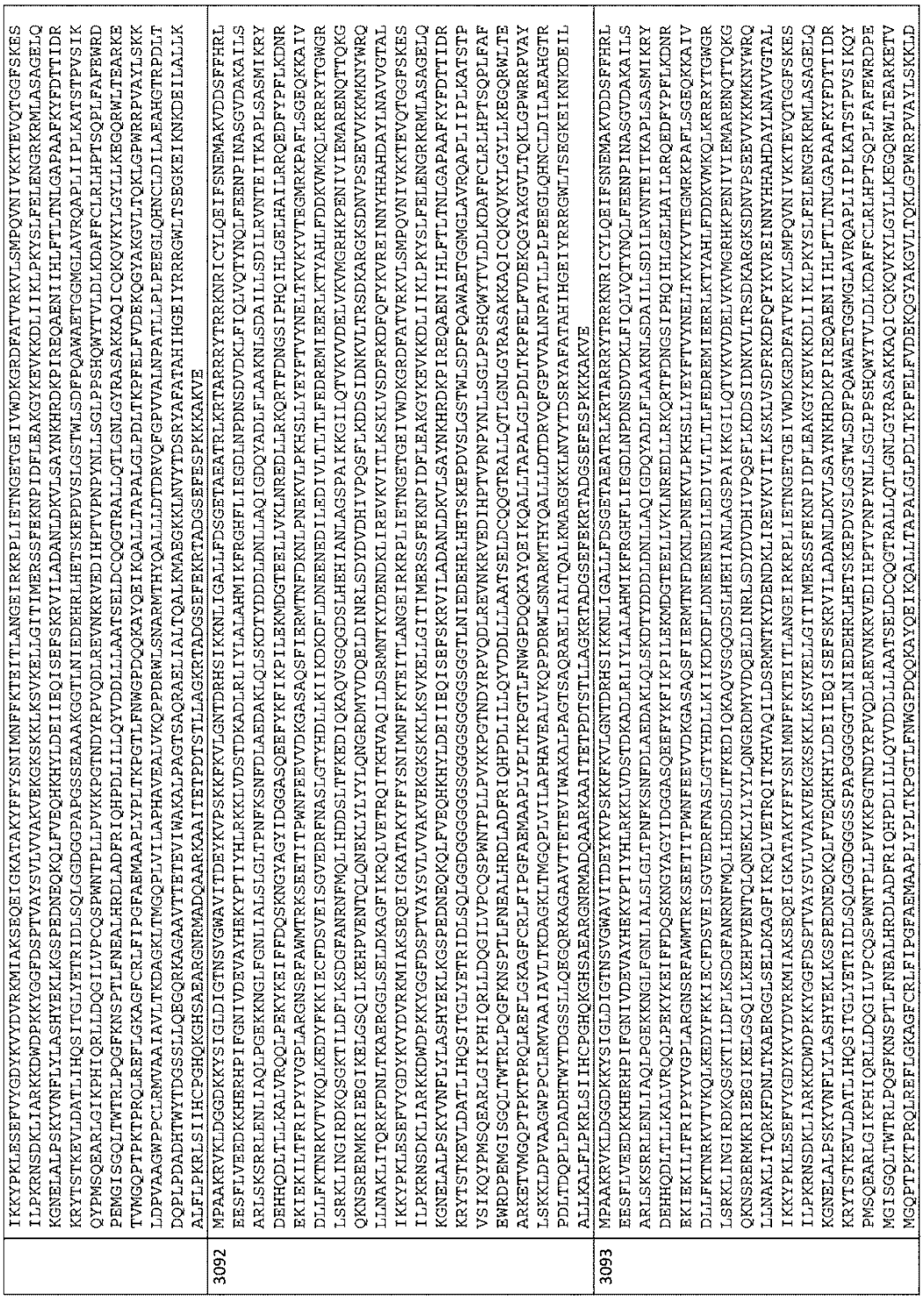
【０８７３】

【表Ａ１－３３１】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3091 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８７４】

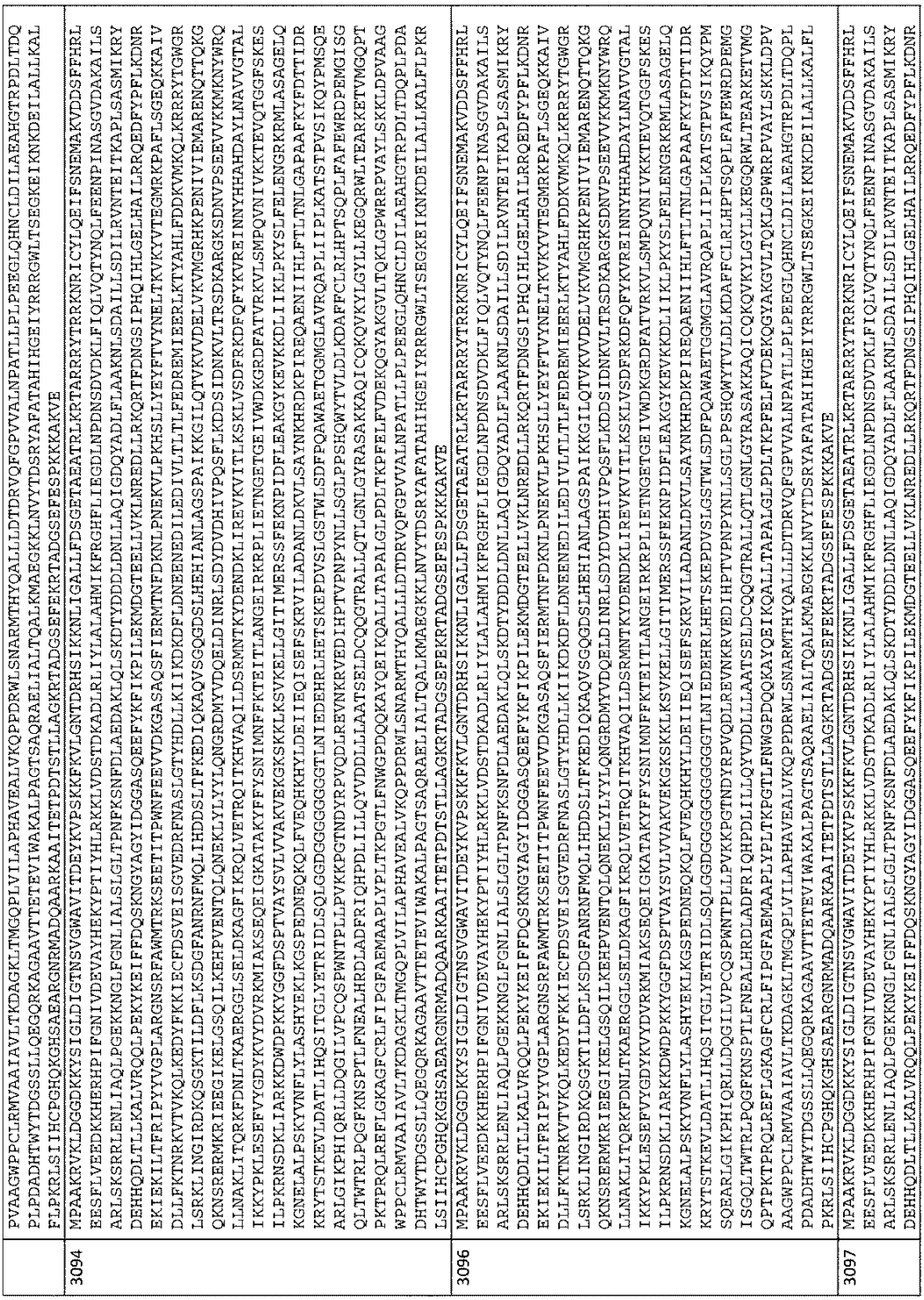
【表Ａ１－３３２】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEQQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3092 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTGNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

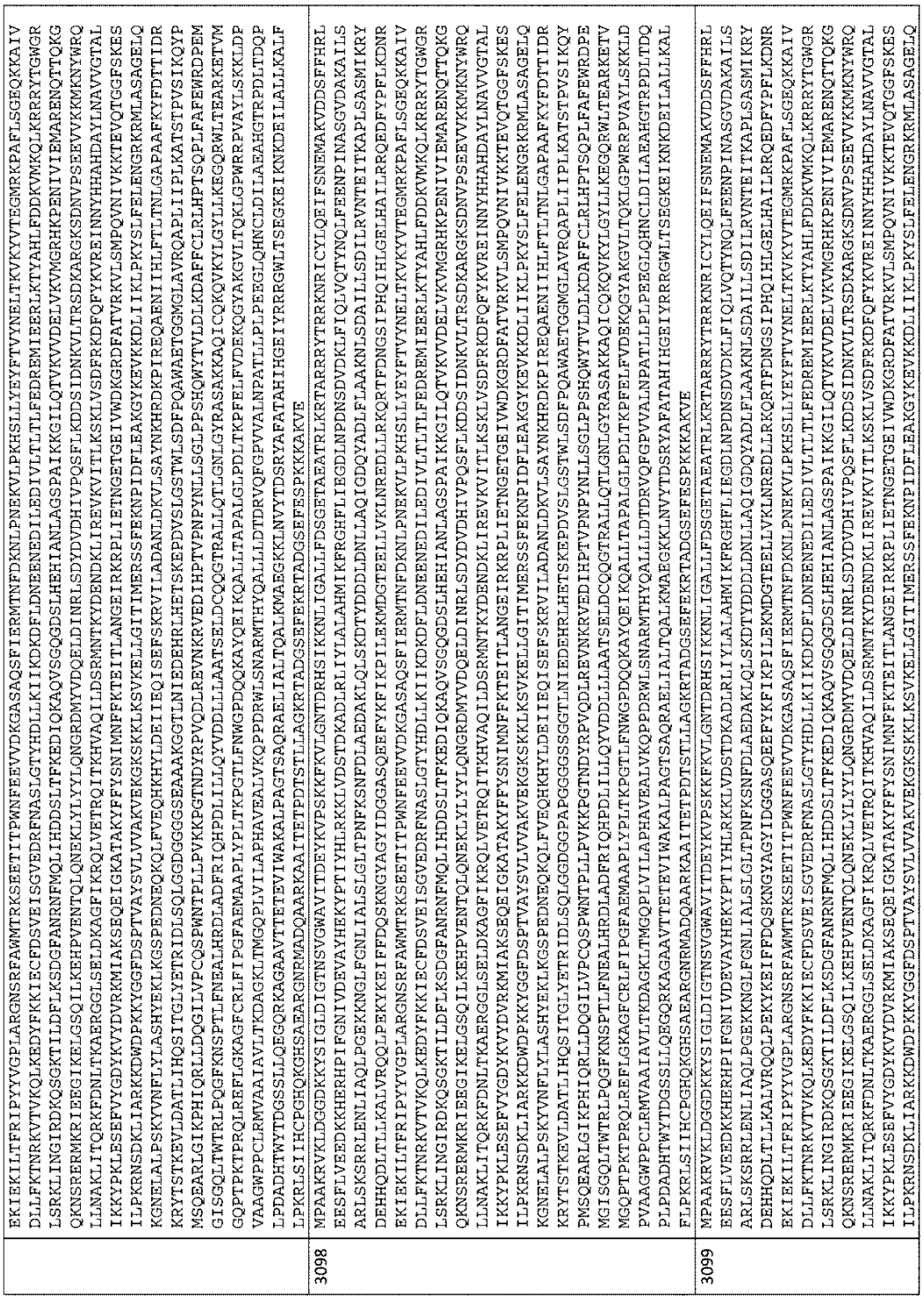
【０８７５】

【表Ａ１－３３３】



【０８７６】

【表Ａ１－３３４】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3098 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAPAGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3099 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

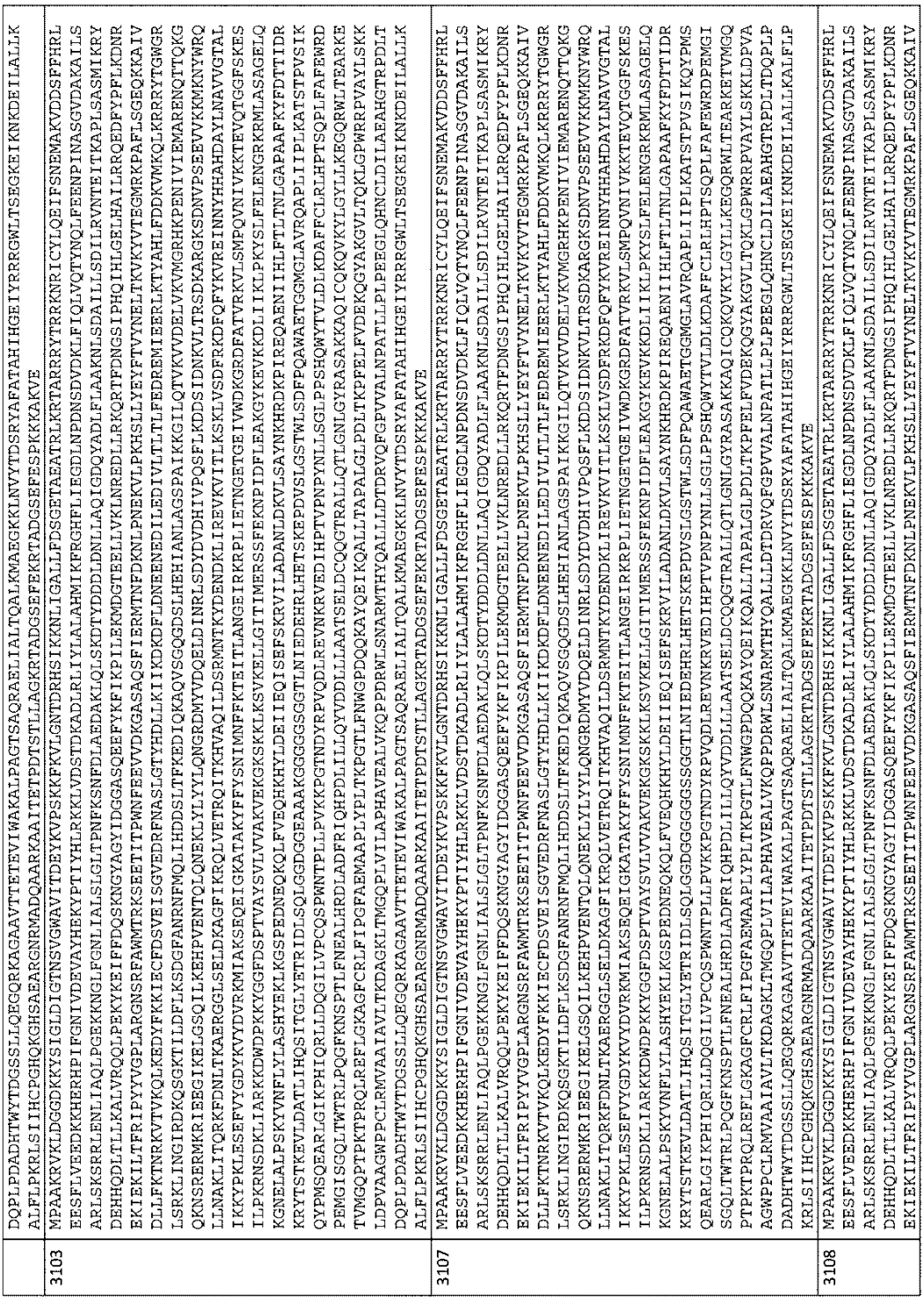
【０８７７】

【表Ａ１－３３５】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATILPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3101 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3103 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

【０８７８】

【表Ａ１－３３６】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3103 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKGGGGSGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3107 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3108 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８７９】

【表Ａ１－３３７】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTIGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3108 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 3109 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８８０】

【表Ａ１－３３８】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3110 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3111 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８８１】

【表Ａ１－３３９】

| | |
|---|---|
| 3111 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3112 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3113 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

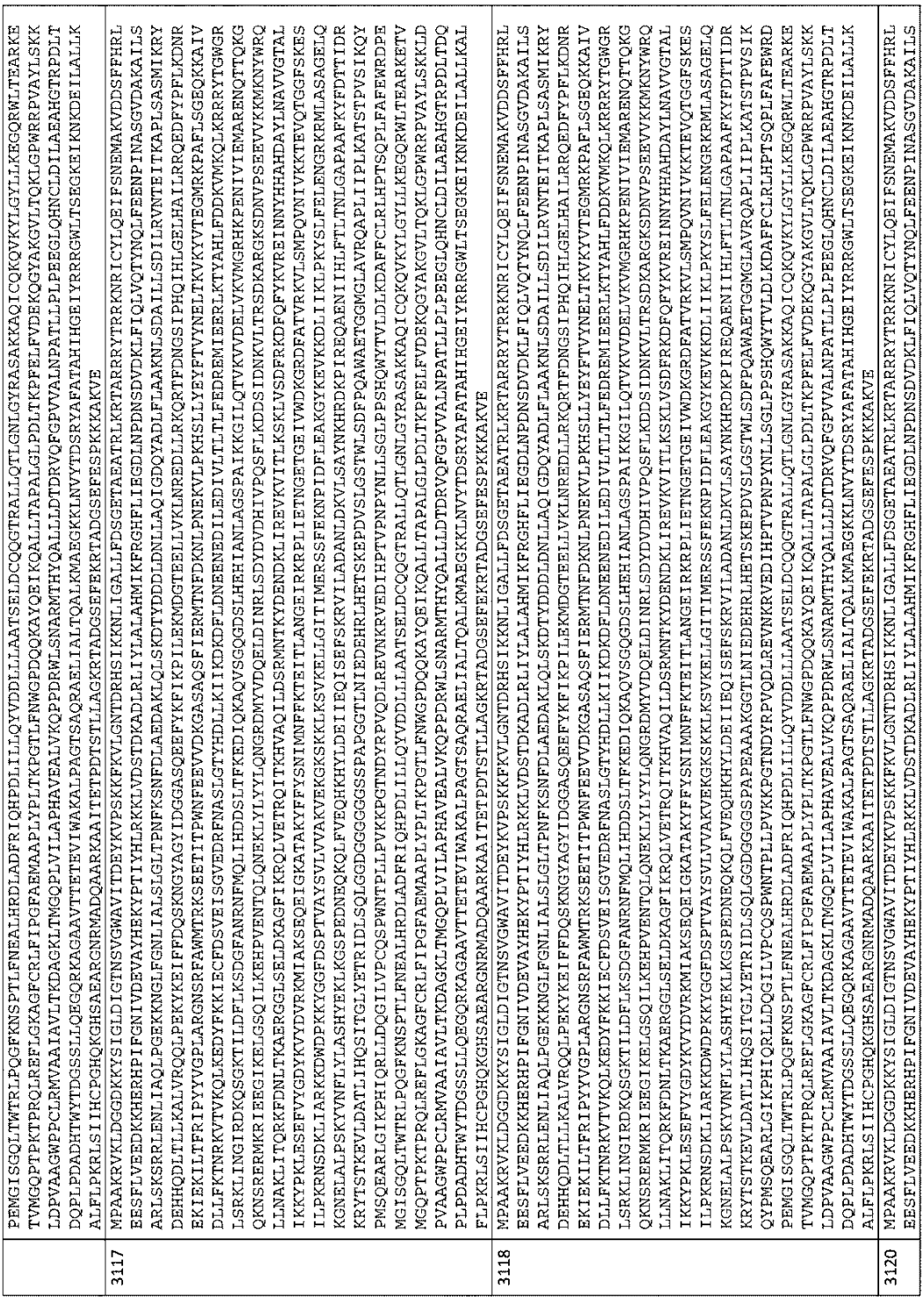
【０８８２】

【表Ａ１－３４０】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3114 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3116 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPRSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０８８３】

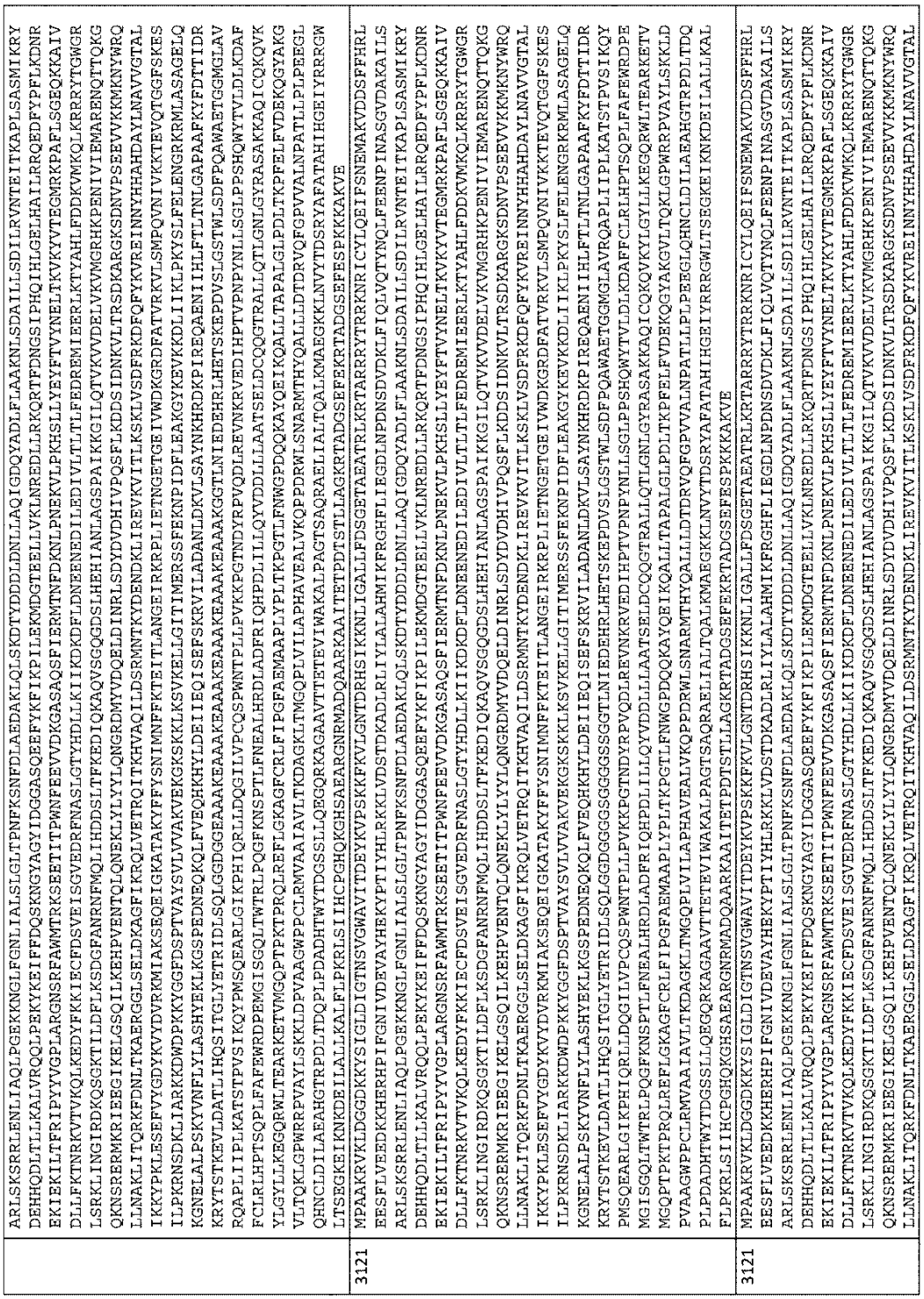
【表Ａ１－３４１】



| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3118 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3120 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８８４】

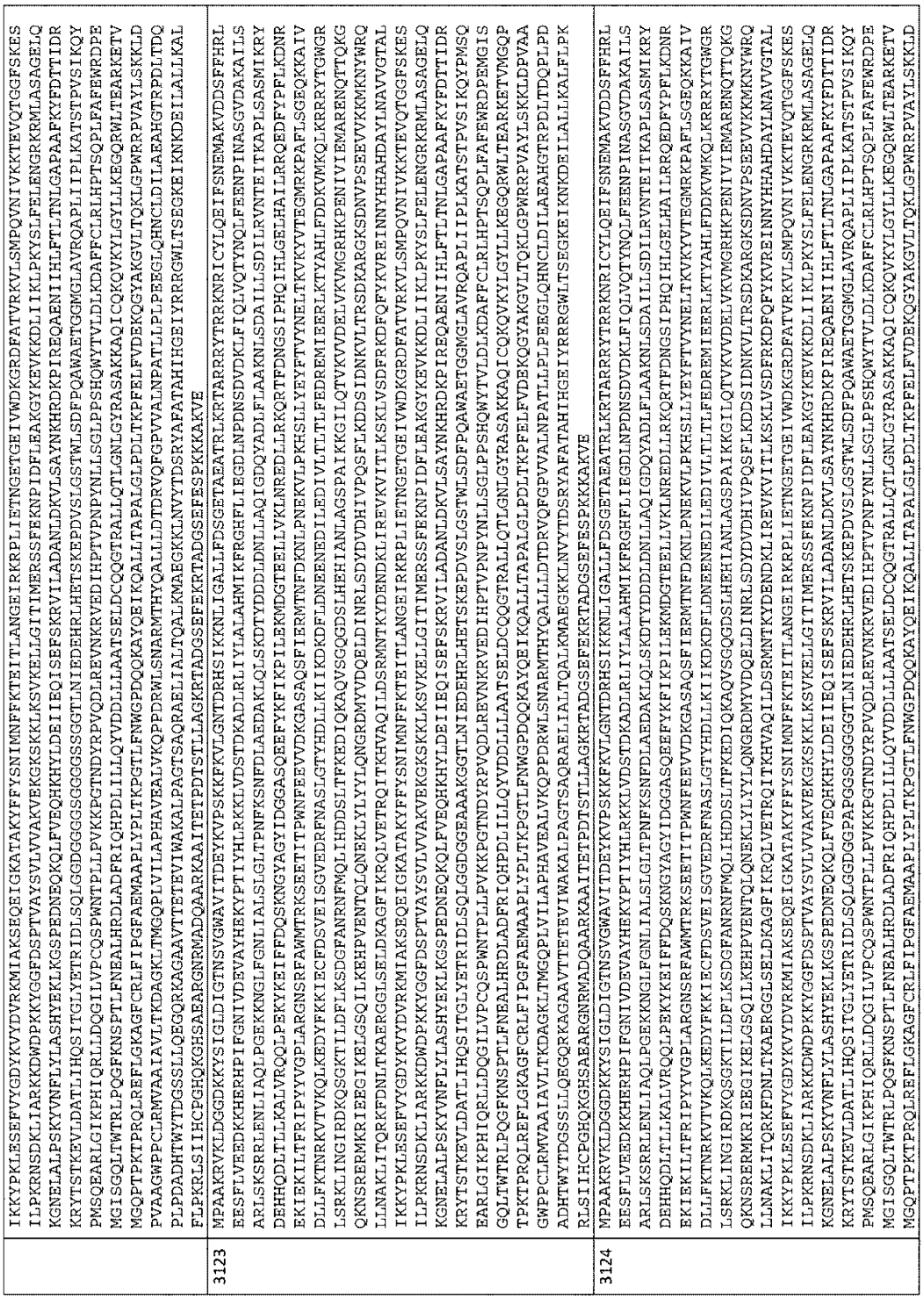
【表Ａ１－３４２】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８８５】

【表Ａ１－３４３】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKVFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3123 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3124 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKVFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

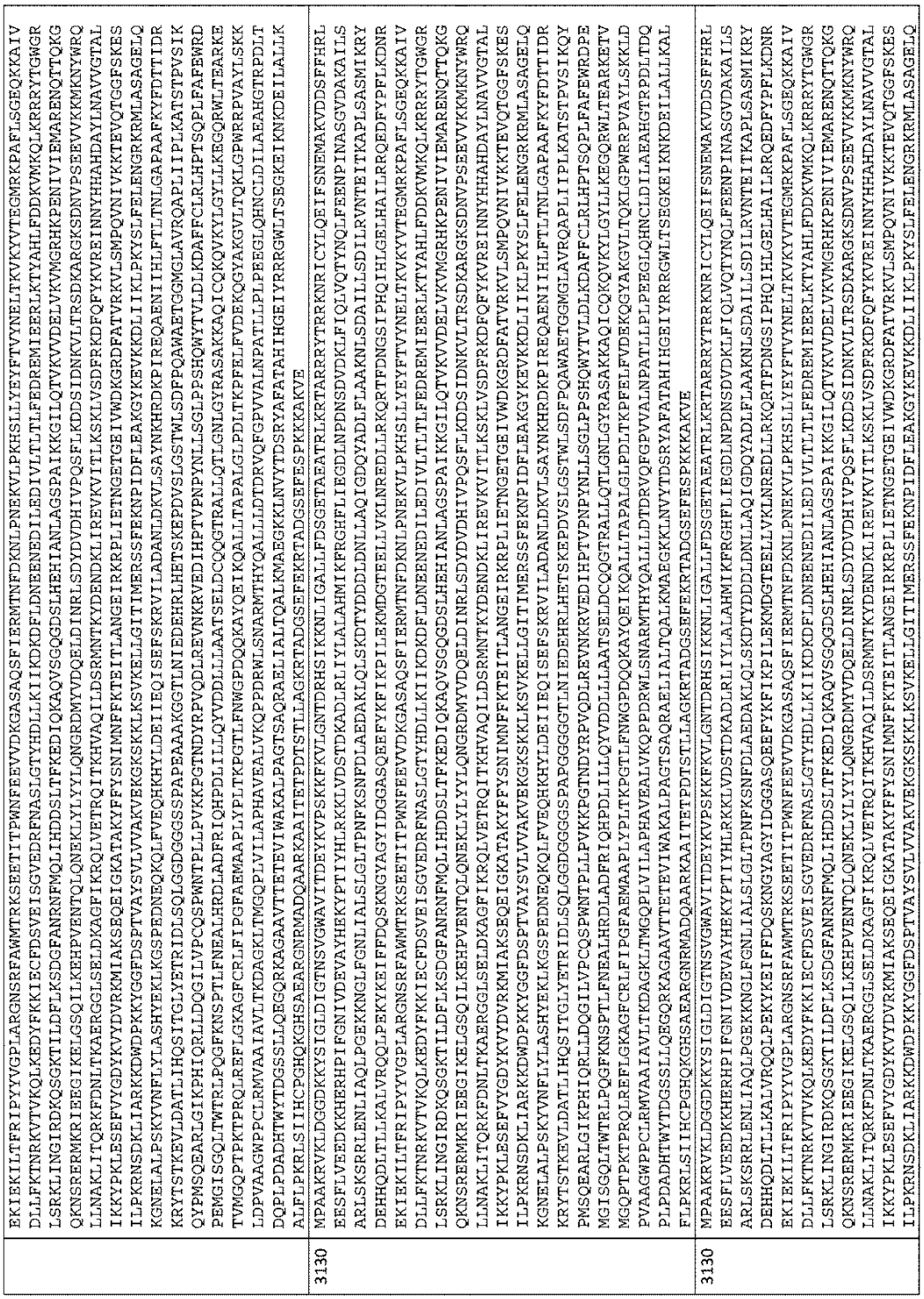
【０８８６】

【表Ａ１－３４４】

| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3125 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3127 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８８７】

【表Ａ１－３４５】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTIGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3130 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８８８】

【表Ａ１－３４６】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3131 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3136 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

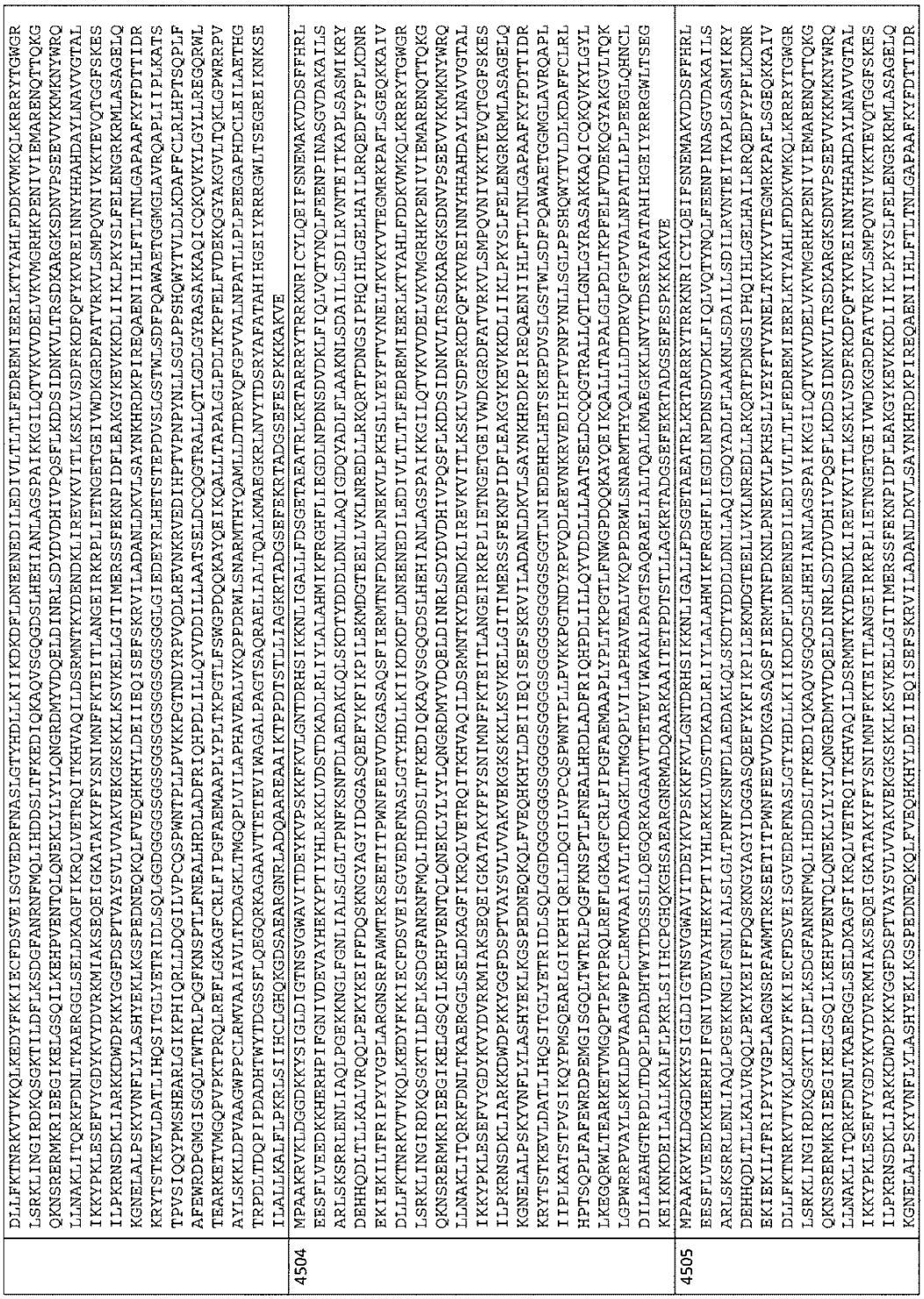
【０８８９】

【表Ａ１－３４７】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4501 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLRELVNKRVETIHPTVPNPYTTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI |
| | LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL |
| | DPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAAINPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4502 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGTAPLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVA |
| | VRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEW |
| | RDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPAR |
| | KATVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRD |
| | LKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALL |
| | EAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4503 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８９０】

【表Ａ１－３４８】



【０８９１】

【表Ａ１－３４９】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4506 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTS |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTR |
| | PDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4507 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCL |
| | DILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

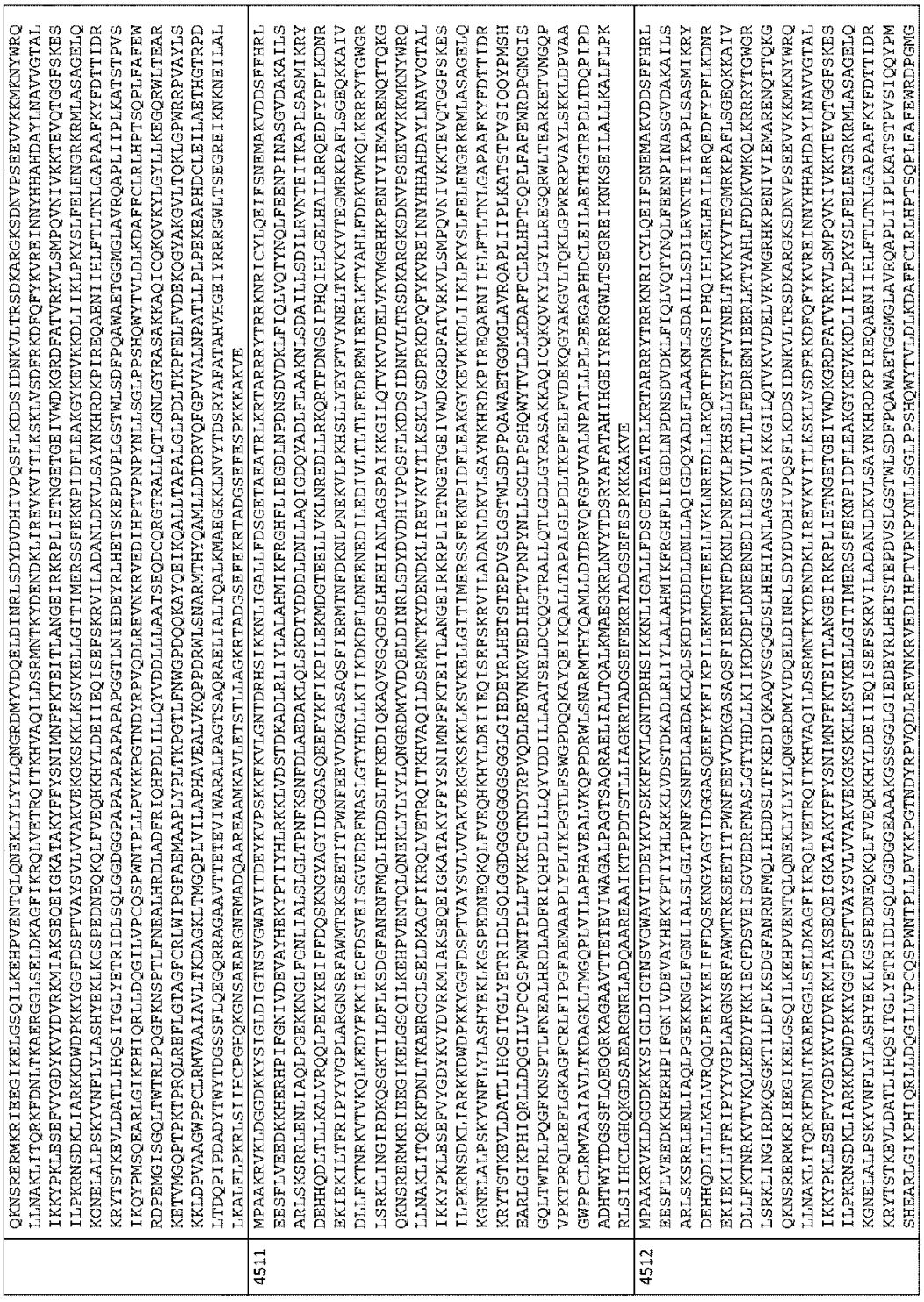
【０８９２】

【表Ａ１－３５０】

| | |
|---|---|
| 4508 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPM<br>SQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMG<br>ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG<br>QPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL<br>PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFL<br>PKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4509 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGVLNIEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVR<br>QYPMSKEARAEGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLRSINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRD<br>PEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKA<br>TVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSTIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWERPVAYLSKK<br>LDPVASGWPTCLKAVAAVALLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRDLIK<br>DQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDININIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEA<br>IHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4510 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８９３】

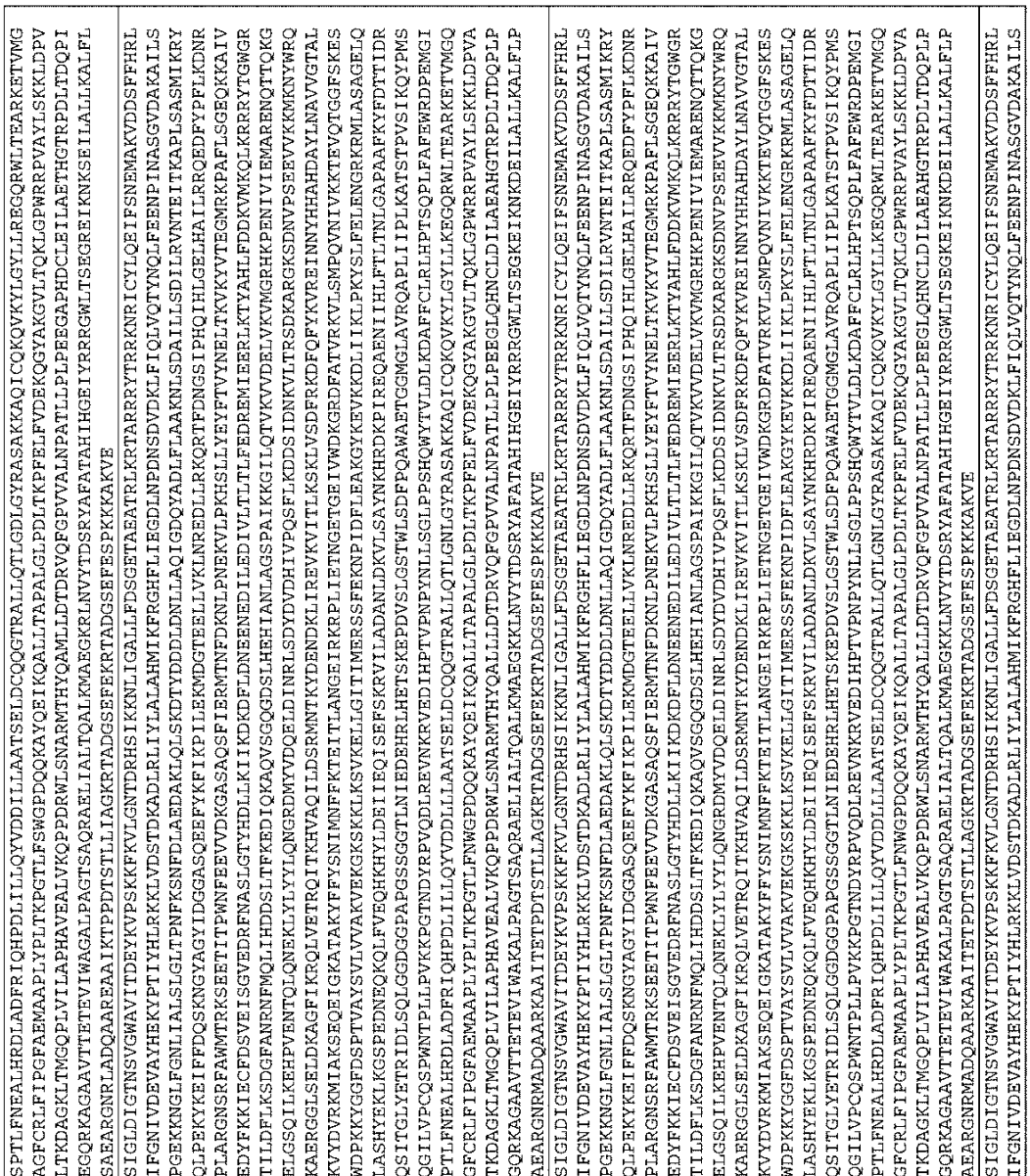
【表Ａ１－３５１】



| | |
|---|---|
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPD |
| | LTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4511 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSH |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQP |
| | VPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4512 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSREEMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPM |
| | SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG |

【０８９４】

【表Ａ１－３５２】



| | |
|---|---|
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMG |
| | QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPI |
| | PDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKSEIIALLKALFL |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4513 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4514 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4515 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８９５】

【表Ａ１－３５３】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS |
| | KEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI |
| | PPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | SGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIIAEETGTRRDLKDQPLP |
| | GVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPK |
| | RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4516 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

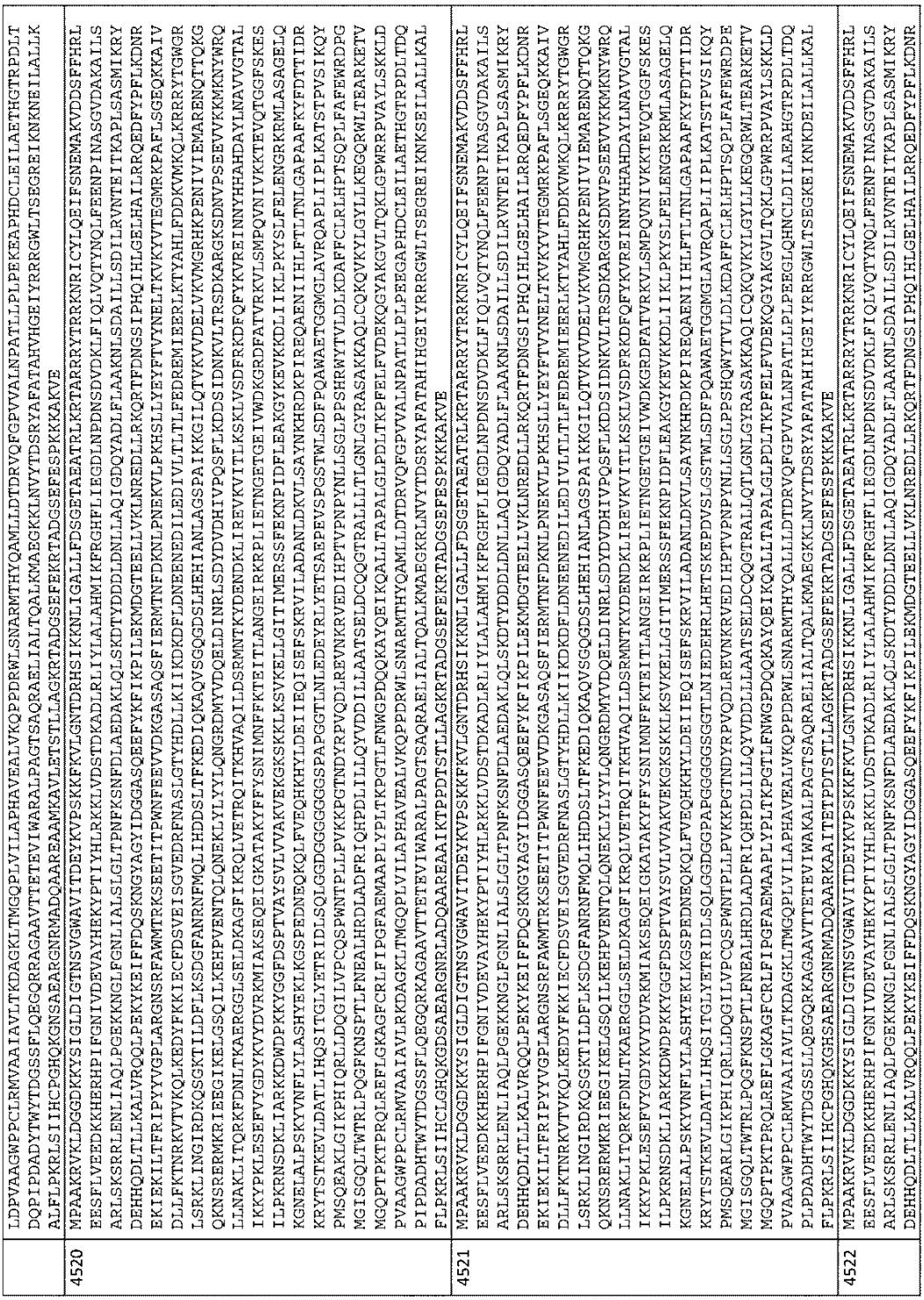
【０８９６】

【表Ａ１－３５４】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4518 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGGSGGLGIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLITDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARFAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4519 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０８９７】

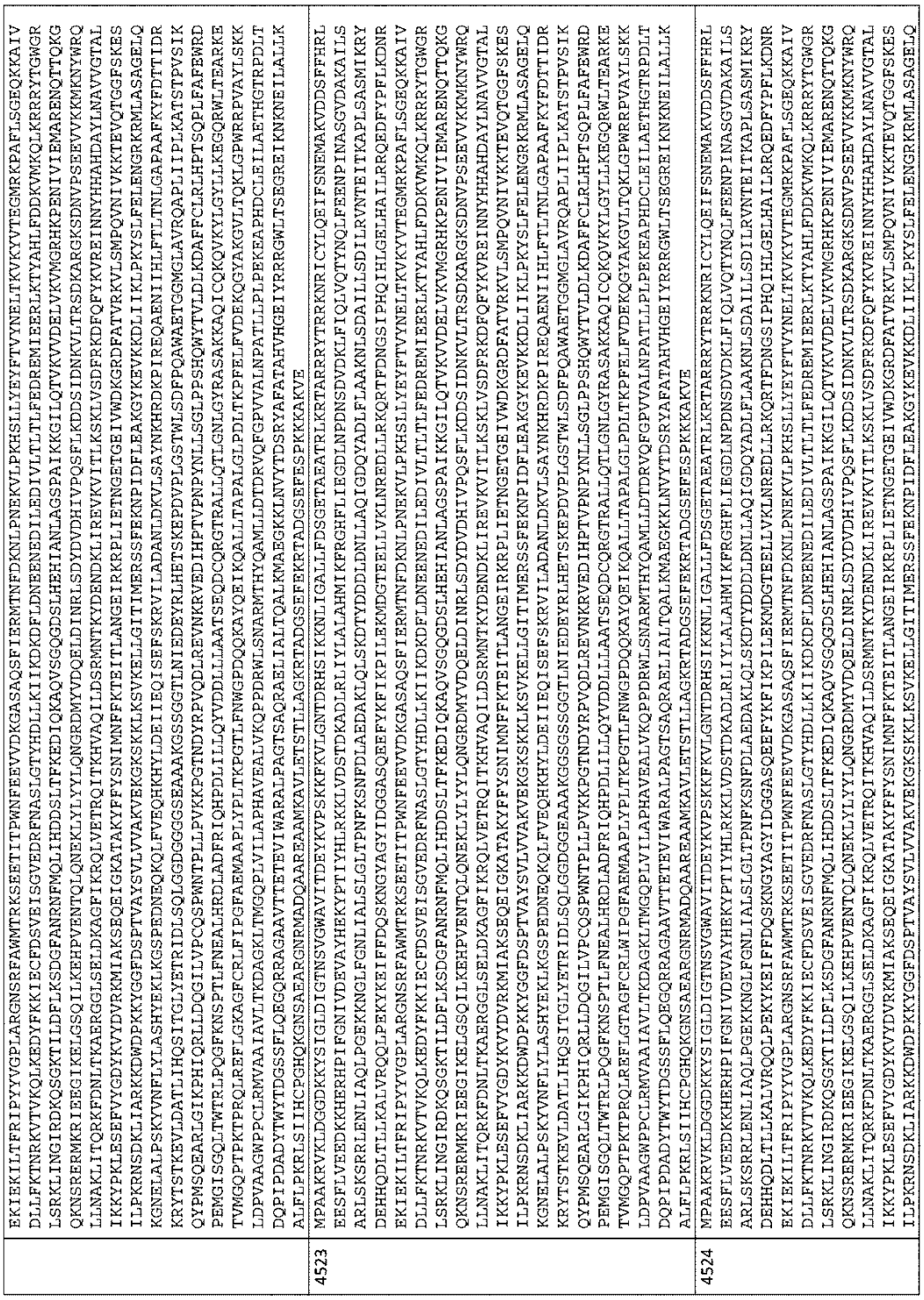
【表Ａ１－３５５】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4520 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNLEDEYRLYETSARPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ<br>PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4521 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4522 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８９８】

【表Ａ１－３５６】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4523 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4524 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

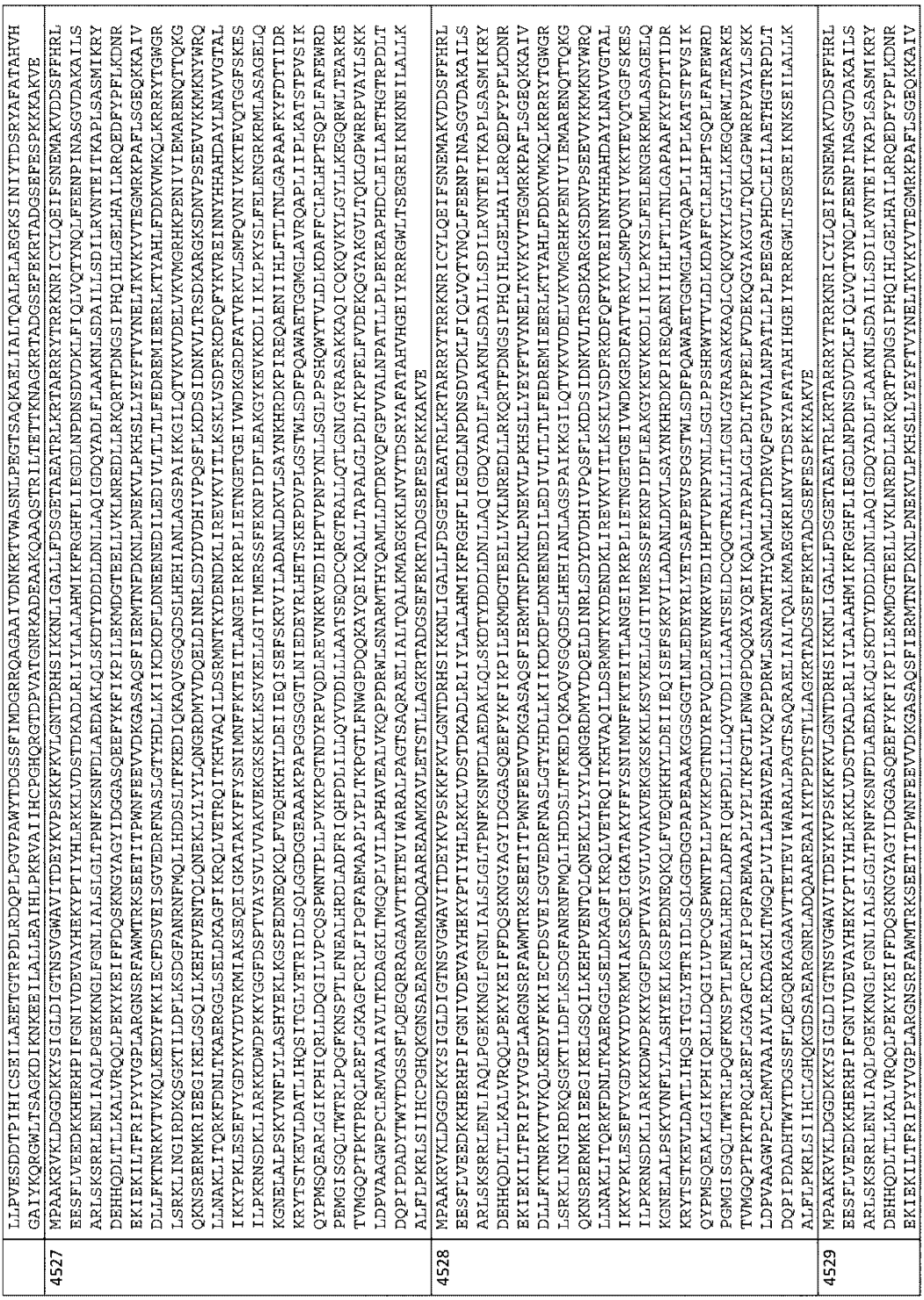
【０８９９】

【表Ａ１－３５７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIIAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4525 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPS |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4526 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPWVW |
| | AEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTW |
| | YSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAK |
| | KAQLCREVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALY |
| | VDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNEVRVSPAFAPPAILNPAT |

【０９００】

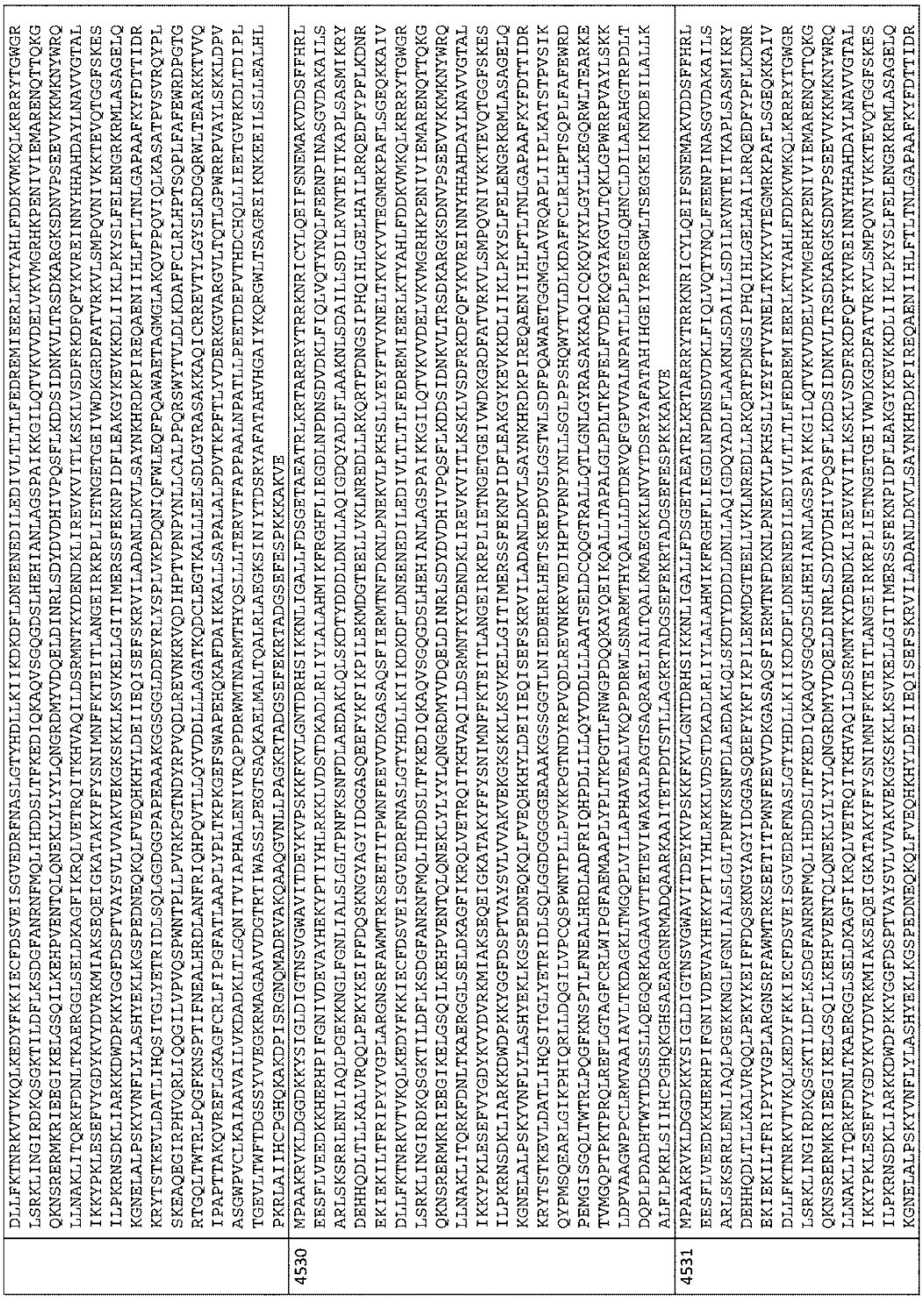
【表Ａ１－３５８】



| | |
|---|---|
| | LLPVESDDTPIHICSEIILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQACAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVH |
| | GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4527 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4528 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNLEDEYRLVETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4529 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０９０１】

【表Ａ１－３５９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4530 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4531 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０９０２】

【表Ａ１－３６０】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKGGGGSSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEARBGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEIILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4532 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNTVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4533 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLJHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGGGGTLNLEDEYRLYETSARPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYKRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０９０３】

【表Ａ１－３６１】

| | |
|---|---|
| 4534 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4535 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4536 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０９０４】

【表Ａ１－３６２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGBAAAKPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4537 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVSDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4538 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０９０５】

【表Ａ１－３６３】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4539 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCTPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTIAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARAVIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4540 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPI |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |

【０９０６】

【表Ａ１－３６４】

| | |
|---|---|
| 4541 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADPKKKRKVEDPKKKRKV<br>TMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVTPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLI<br>AAQNQHSAGILSSIPRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNA<br>GYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEER<br>NPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTSKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFH<br>YDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEPACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAES<br>VNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSVVVNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０９０７】

遺伝子組換えシステムのための局在化配列

特定の実施形態では、遺伝子エディターシステムＲＮＡは、細胞内局在化配列、例えば、核局在化配列（ＮＬＳ）を更に含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４０００及び／若しくは配列番号４００１に含まれるＮＬＳ、又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するＮＬＳを含む。

【０９０８】

核局在化配列は、ＲＮＡの核への入力を促進するＲＮＡ配列であり得る。特定の実施形

態では、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡ上に位置する。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第１のＲＮＡ上にコードされ、鋳型ＲＮＡは、第２の別のＲＮＡであり、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡ上に位置し、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡ上に位置しない。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡは、その翻訳を促進するため、主に細胞質に標的化される一方、鋳型ＲＮＡは、ゲノム中に挿入を促進するため、主に核に標的化される。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡの３’末端、５’末端、又は内部領域内に存在する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、異種配列の３’である（例えば、直接的に異種配列の３’である）、又は異種配列の５’である（例えば、直接的に異種配列の５’である）。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡの５’ＵＴＲの外側又は３’ＵＴＲの外側に配置される。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、５’ＵＴＲと３’ＵＴＲとの間に配置され、任意選択で、核局在化シグナルは、導入遺伝子によって転写されない（例えば、核局在化シグナルは、アンチセンス方向性であるか、又は転写終結シグナル若しくはポリアデニル化シグナルの下流である）。一部の実施形態では、核局在化配列は、イントロンの内部に位置する。一部の実施形態では、複数の同じ又は異なる核局在化シグナルは、ＲＮＡ中、例えば、鋳型ＲＮＡ中に存在する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、５ｂｐ、１０ｂｐ、２５ｂｐ、５０ｂｐ、７５ｂｐ、１００ｂｐ、１５０ｂｐ、２００ｂｐ、２５０ｂｐ、３００ｂｐ、３５０ｂｐ、４００ｂｐ、４５０ｂｐ、５００ｂｐ、６００ｂｐ、７００ｂｐ、８００ｂｐ、９００ｂｐ又は１０００ｂｐ未満の長さである。様々なＲＮＡ核局在化配列が使用可能である。例えば、Ｌｕｂｅｌｓｋｙ ａｎｄ Ｕｌｉｔｓｋｙ，Ｎａｔｕｒｅ ５５５（１０７－１１１），２０１８は、ＲＮＡの核内への局在化を駆動するＲＮＡ配列について記載している。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＳＩＮＥ由来の核ＲＮＡ局在化（ＳＩＲＬＯＩＮ）シグナルである。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、核濃縮タンパク質に結合する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＨＮＲＮＰＫタンパク質に結合する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ピリミジン中に豊富に存在し、例えば、Ｃ／Ｔリッチ、Ｃ／Ｕリッチ、Ｃリッチ、Ｔリッチ、又はＵリッチ領域である。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、長鎖非翻訳ＲＮＡに由来する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＭＡＬＡＴ１長鎖非翻訳ＲＮＡに由来する、又はＭＡＬＡＴ１の６００ヌクレオチドのＭ領域である（Ｍｉｙａｇａｗａ ｅｔ ａｌ．，ＲＮＡ １８，（７３８－７５１），２０１２に記載されている）。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＢＯＲＧ長鎖非翻訳ＲＮＡに由来する、又はＡＧＣＣＣモチーフである（Ｚｈａｎｇ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ ａｎｄ Ｃｅｌｌｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ ３４，２３１８－２３２９（２０１４）に記載されている。一部の実施形態では、核局在化配列は、Ｓｈｕｋｌａ ｅｔ ａｌ．，Ｔｈｅ ＥＭＢＯ Ｊｏｕｒｎａｌ ｅ９８４５２（２０１８）に記載されている。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、レトロウイルスに由来する。

【０９０９】

一部の実施形態では、本明細書に記載のポリペプチドは、１つ又は複数の（例えば、２、３、４、５）の核ターゲティング配列、例えば、核局在化配列（ＮＬＳ）を含む。一部の実施形態では、ＮＬＳは、双節型（ｂｉｐａｒｔｉｔｅ）ＮＬＳである。一部の実施形態では、ＮＬＳは、ＮＬＳを含むタンパク質の細胞核への入力を促進する。一部の実施形態では、ＮＬＳは、本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチドのＮ末端と融合される。一部の実施形態では、ＮＬＳは、遺伝子組換えポリペプチドのＣ末端と融合される。一部の実施形態では、ＮＬＳは、ＣａｓドメインのＮ末端又はＣ末端と融合される。一部の実施形態では、リンカー配列は、ＮＬＳと、遺伝子組換えポリペプチドの隣接ドメインとの間に配置される。

【０９１０】

一部の実施形態では、ＮＬＳは、アミノ酸配列ＭＤＳＬＬＭＮＲＲＫＦＬＹＱＦＫＮＶＲＷＡＫＧＲＲＥＴＹＬＣ（配列番号５００９）、ＰＫＫＲＫＶＥＧＡＤＫＲＴＡＤＧＳ

ＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１０）、ＲＫＳＧＫＩＡＡＩＷＫＲＰＲＫＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１１）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１２）、ＫＫＴＥＬＱＴＴＮＡＥＮＫＴＫＫＬ（配列番号５０１３）、又はＫＲＧＩＮＤＲＮＦＷＲＧＥＮＧＲＫＴＲ（配列番号５０１４）、ＫＲＰＡＡＴＫＫＡＧＱＡＫＫＫＫ（配列番号５０１５）、ＰＡＡＫＲＶＫＬＤ（配列番号４６４４）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４６４９）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥ（配列番号４６５０）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４６５１）、ＡＧＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４００１）又はその機能性断片若しくは変異体を含む。例示的なＮＬＳ配列は、ＰＣＴ／欧州特許第２０００／０１１６９０号明細書にも記載されており、その内容は、その例示的な核局在化配列の開示について、参照により本明細書に組み込まれる。一部の実施形態では、ＮＬＳは、表１１に開示のようなアミノ酸配列を含む。この表のＮＬＳは、核への細胞内局在化を改善するため、ポリペプチド中の１つ又は複数の位置におけるポリペプチド中の１つ又は複数のコピー、例えば、Ｎ末端ドメイン内、ペプチドドメイン間、Ｃ末端ドメイン内、又は位置の組合せにおける、ＮＬＳの１、２、３若しくはそれ以上コピーで利用され得る。複数の固有配列は、単一のポリペプチド中で使用され得る。配列は、例えば、塩基性アミノ酸の１つ若しくは２つのストレッチを有する、天然に単節型（ｍｏｎｏｐａｒｔｉｔｅ）又は双節型であり得るか、又はキメラ双節型配列として使用され得る。配列の参照は、細胞内局在化予測アルゴリズムを用いて取り出された配列について、ＳｅｑＮＬＳとして示される場合を除いて、ＵｎｉＰｒｏｔ受入番号に対応する（Ｌｉｎ ｅｔａｌ ＢＭＣ Ｂｉｏｉｎｆｏｒｍａｔ １３：１５７（２０１２）、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。

【０９１１】

【表１１－１】

*表11 遺伝子組換えシステムにおける使用のための例示的な核局在化シグナル*

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| AHFKISGEKRPSTDPGKKAKNPKKKKKKDP | Q76IQ7 | 5223 |
| AHRAKKMSKTHA | P21827 | 5224 |
| ASPEYVNLPINGNG | SeqNLS | 5225 |
| CTKRPRW | O88622, Q86W56, Q9QYM2, O02776 | 5226 |
| DKAKRVSRNKSEKKRR | O15516, Q5RAK8, Q91YB2, Q91YB0, Q8QGQ6, O08785, Q9WVS9, Q6YGZ4 | 5227 |
| EELRLKEELLKGIYA | Q9QY16, Q9UHL0, Q2TBP1, Q9QY15 | 5228 |
| EEQLRRRKNSRLNNTG | G5EFF5 | 5229 |
| EVLKVIRTGKRKKKAWKRMVTKVC | SeqNLS | 5230 |
| HHHHHHHHHHHHQPH | Q63934, G3V7L5, Q12837 | 5231 |
| HKKKHPDASVNFSEFSK | P10103, Q4R844, P12682, B0CM99, A9RA84, Q6YKA4, P09429, P63159, Q08IE6, P63158, Q9YH06, B1MTB0 | 5232 |
| HKRTKK | Q2R2D5 | 5233 |
| IINGRKLKLKKSRRRSSQTSNNSFTSRRS | SeqNLS | 5234 |
| KAEQERRK | Q8LH59 | 5235 |
| KEKRKRREELFIEQKKRK | SeqNLS | 5236 |
| KKGKDEWFSRGKKP | P30999 | 5237 |
| KKGPSVQKRKKT | Q6ZN17 | 5238 |
| KKKTVINDLLHYKKEK | SeqNLS, P32354 | 5239 |
| KKNGGKGKNKPSAKIKK | SeqNLS | 5240 |
| KKPKWDDFKKKKK | Q15397, Q8BKS9, Q562C7 | 5241 |
| KKRKKD | SeqNLS, Q91Z62, Q1A730, Q969P5, Q2KHT6, Q9CPU7 | 5242 |
| KKRRKRRRK | SeqNLS | 5243 |
| KKRRRRARK | Q9UMS6, D4A702, Q91YE8 | 5244 |
| KKSKRGR | Q9UBS0 | 5245 |
| KKSRKRGS | B4FG96 | 5246 |
| KKSTALSRELGKIMRRR | SeqNLS, P32354 | 5247 |
| KKSYQDPEIIAHSRPRK | Q9U7C9 | 5248 |
| KKTGKNRKLKSKRVKTR | Q9Z301, O54943, Q8K3T2 | 5249 |
| KKVSIAGQSGKLWRWKR | Q6YUL8 | 5250 |
| KKYENVVIKRSPRKRGRPRK | SeqNLS | 5251 |
| KNKKRK | SeqNLS | 5252 |
| KPKKKR | SeqNLS | 5253 |
| KRAMKDDSHGNSTSPKRRK | Q0E671 | 5254 |

【０９１２】

【表１１－２】

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| KRANSNLVAAYEKAKKK | P23508 | 5255 |
| KRASEDTTSGSPPKKSSAGPKR | Q9BZZ5, Q5R644 | 5256 |
| KRFKRRWMVRKMKTKK | SeqNLS | 5257 |
| KRGLNSSFETSPKKVK | Q8IV63 | 5258 |
| KRGNSSIGPNDLSKRKQRKK | SeqNLS | 5259 |
| KRIHSVSLSQSQIDPSKKVKRAK | SeqNLS | 5260 |
| KRKGKLKNKGSKRKK | O15381 | 5261 |
| KRRRRRRREKRKR | Q96GM8 | 5262 |
| KRSNDRTYSPEEEKQRRA | Q91ZF2 | 5263 |
| KRTVATNGDASGAHRAKKMSK | SeqNLS | 5264 |
| KRVYNKGEDEQEHLPKGKKR | SeqNLS | 5265 |
| KSGKAPRRRAVSMDNSNK | Q9WVH4, O43524 | 5266 |
| KVNFLDMSLDDIIIYKELE | Q9P127 | 5267 |
| KVQHRIAKKTTRRRR | Q9DXE6 | 5268 |
| LSPSLSPL | Q9Y261, P32182, P35583 | 5269 |
| MDSLLMNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLC | Q9GZX7 | 5270 |
| MPQNEYIELHRKRYGYRLDYHEKKRKKESREAHER SKKAKKMIGLKAKLYHK | SeqNLS | 5271 |
| MVQLRPRASR | SeqNLS | 5272 |
| NNKLLAKRRKGGASPKDDPMDDIK | Q965G5 | 5273 |
| NYKRPMDGTYGPPAKRHEGE | O14497, A2BH40 | 5274 |
| PDTKRAKLDSSETTMVKKK | SeqNLS | 5275 |
| PEKRTKI | SeqNLS | 5276 |
| PGGRGKKK | Q719N1, Q9UBP0, A2VDN5 | 5277 |
| PGKMDKGEHRQERRDRPY | Q01844, Q61545 | 5278 |
| PKKGDKYDKTD | Q45FA5 | 5279 |
| PKKKSRK | O35914, Q01954 | 5280 |
| PKKNKPE | Q22663 | 5281 |
| PKKRAKV | P04295, P89438 | 5282 |
| PKPKKLKVE | P55263, P55262, P55264, Q64640 | 5283 |
| PKRGRGR | Q9FYS5, Q43386 | 5284 |
| PKRRLVDDA | P0C797 | 5285 |
| PKRRRTY | SeqNLS | 5286 |
| PLFKRR | A8X6H4, Q9TXJ0 | 5287 |
| PLRKAKR | Q86WB0, Q5R8V9 | 5288 |
| PPAKRKCIF | Q6AZ28, O75928, Q8C5D8 | 5289 |
| PPARRRRL | Q8NAG6 | 5290 |
| PPKKKRKV | Q3L6L5, P03070, P14999, P03071 | 5291 |
| PPNKRMKVKH | Q8BN78 | 5292 |

【０９１３】

【表１１－３】

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| PPRIYPQLPSAPT | P0C799 | 5293 |
| PQRSPFPKSSVKR | SeqNLS | 5294 |
| PRPRKVPR | P0C799 | 5295 |
| PRRRVQRKR | SeqNLS, Q5R448, Q5TAQ9 | 5296 |
| PRRVRLK | Q58DJ0, P56477, Q13568 | 5297 |
| PSRKRPR | Q62315, Q5F363, Q92833 | 5298 |
| PSSKKRKV | SeqNLS | 5299 |
| PTKKRVK | P07664 | 5300 |
| QRPGPYDRP | SeqNLS | 5301 |
| RGKGGKGLGKGGAKRHRK | SeqNLS | 5302 |
| RKAGKGGGGHKTTKKRSAKDEKVP | B4FG96 | 5303 |
| RKIKLKRAK | A1L3G9 | 5304 |
| RKIKRKRAK | B9X187 | 5305 |
| RKKEAPGPREELRSRGR | O35126, P54258, Q5IS70, P54259 | 5306 |
| RKKRKGK | SeqNLS, Q29243, Q62165, Q28685, O18738, Q9TSZ6, Q14118 | 5307 |
| RKKRRQRRR | P04326, P69697, P69698, P05907, P20879, P04613, P19553, P0C1J9, P20893, P12506, P04612, Q73370, P0C1K0, P05906, P35965, P04609, P04610, P04614, P04608, P05905 | 5308 |
| RKKSIPLSIKNLKRKHKRKKNKITR | Q9C0C9 | 5309 |
| RKLVKPKNTKMKTKLRTNPY | Q14190 | 5310 |
| RKRLILSDKGQLDWKK | SeqNLS, Q91Z62, Q1A730, Q2KHT6, Q9CPU7 | 5311 |
| RKRLKSK | Q13309 | 5312 |
| RKRRVRDNM | Q8QPH4, Q809M7, A8C8X1, Q2VNC5, Q38SQ0, O89749, Q6DNQ9, Q809L9, Q0A429, Q20NV3, P16509, P16505, Q6DNQ5, P16506, Q6XT06, P26118, Q2ICQ2, Q2RCG8, Q0A2D0, Q0A2H9, Q9IQ46, Q809M3, Q6J847, Q6J856, B4URE4, A4GCM7, Q0A440, P26120, P16511, | 5313 |
| RKRSPKDKKEKDLDGAGKRRKT | Q7RTP6 | 5314 |
| RKRTPRVDGQTGENDMNKRRRK | O94851 | 5315 |
| RLPVRRRRRR | P04499, P12541, P03269, P48313, P03270 | 5316 |
| RLRFRKPKSK | P69469 | 5317 |
| RQQRKR | Q14980 | 5318 |
| RRDLNSSFETSPKKVK | Q8K3G5 | 5319 |
| RRDRAKLR | Q9SLB8 | 5320 |
| RRGDGRRR | Q80WE1, Q5R9B4, Q06787, P35922 | 5321 |
| RRGRKRKAEKQ | Q812D1, Q5XXA9, Q99JF8, Q8MJG1, Q66T72, O75475 | 5322 |
| RRKKRR | Q0VD86, Q58DS6, Q5R6G2, Q9ERI5, Q6AYK2, Q6NYC1 | 5323 |
| RRKRSKSEDMDSVESKRRR | Q7TT18 | 5324 |
| RRKRSR | Q99PU7, D3ZHS6, Q92560, A2VDM8 | 5325 |
| RRPKGKTLQKRKPK | Q6ZN17 | 5326 |
| RRRGFERFGPDNMGRKRK | Q63014, Q9DBR0 | 5327 |
| RRRGKNKVAAQNCRK | SeqNLS | 5328 |

【０９１４】

【表１１－４】

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| RRRKRR | Q5FVH8, Q6MZT1, Q08DH5, Q8BQP9 | 5329 |
| RRRQKQKGGASRRR | SeqNLS | 5330 |
| RRRREGPRARRRR | P08313, P10231 | 5331 |
| RRTIRLKLVYDKCDRSCKIQKKNRNKCQYCRFHKCL SVGMSHNAIRFGRMPRSEKAKLKAE | SeqNLS | 5332 |
| RRVPQRKEVSRCRKCRK | Q5RJN4, Q32L09, Q8CAK3, Q9NUL5 | 5333 |
| RVGGRRQAVECIEDLLNEPGQPLDLSCKRPRP | P03255 | 5334 |
| RVVKLRIAP | P52639, Q8JMN0 | 5335 |
| RVVRRR | P70278 | 5336 |
| SKRKTKISRKTR | Q5RAY1, O00443 | 5337 |
| SYVKTVPNRTRTYIKL | P21935 | 5338 |
| TGKNEAKKRKIA | P52739, Q8K3J5, Q5RAU9 | 5339 |
| TLSPASSPSSVSCPVIPASTDESPGSALNI | SeqNLS | 5340 |
| VSKKQRTGKKIH | P52739, Q8K3J5, Q5RAU9 | 5341 |
| SPKKKRKVE | | 5342 |
| KRTAD GSEFE SPKKKRKVE | | 5343 |
| PAAKRVKLD | | 5344 |
| PKKKRKV | | 5345 |
| MDSLLMNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLC | | 5346 |
| SPKKKRKVEAS | | 5347 |
| MAPKKKRKVGIHRGVP | | 5348 |
| KRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | | 5349 |
| KRTADGSEFE | | 5350 |
| KRTADGSEFESPKKKAKVE | | 5351 |
| AGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | | 4001 |

【０９１５】

一部の実施形態では、ＮＬＳは、双節型ＮＬＳである。双節型ＮＬＳは、典型的に、スペーサー配列によって隔てられる２つの塩基性アミノ酸クラスター（例えば、約１０アミノ酸長であり得る）を含む。単節型ＮＬＳは、典型的に、スペーサーを欠いている。双節型ＮＬＳの例は、配列ＫＲ［ＰＡＡＴＫＫＡＧＱＡ］ＫＫＫＫ（配列番号５０１５）（括弧内はスペーサー）を有するヌクレオプラスミンＮＬＳである。別の例示的な双節型ＮＬＳは、配列ＰＫＫＫＲＫＶＥＧＡＤＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１６）を有する。例示的なＮＬＳは、国際公開第２０２００５１５６１号パンフレット（核局在化配列に関する開示を含め、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【０９１６】

特定の実施形態では、遺伝子エディターシステムポリペプチド（例えば、本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチド）は、細胞内局在化配列、例えば、核局在化配列及び／又は核小体局在化配列を更に含む。核局在化配列及び／又は核小体局在化配列は、そのタンパク質の核及び／又は核小体への入力を促進するアミノ酸配列であり得、ここで、それは、異種配列のゲノムへの組み込みを促進し得る。特定の実施形態では、遺伝子エディターシステムポリペプチド（例えば、例として本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチド）は、核小体局在化配列を更に含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第１のＲＮＡ上にコードされ、鋳型ＲＮＡは、第２の分かれたＲＮＡであり、核小体局在化シグナルは、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡ上にコードされ、鋳型ＲＮ

Ａ上にコードされない。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ポリペプチドのＮ末端、Ｃ末端、又は内部領域内に位置する。一部の実施形態では、複数の同じ又は異なる核小体局在化シグナルが使用される。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、５、１０、２５、５０、７５又は１００アミノ酸長未満である。様々なポリペプチドの核小体局在化シグナルが使用可能である。例えば、Ｙａｎｇ　ｅｔ　ａｌ．，Ｊｏｕｒｎａｌ　ｏｆ　Ｂｉｏｍｅｄｉｃａｌ　Ｓｃｉｅｎｃｅ　２２，３３（２０１５）は、核小体局在化シグナルとしても機能する核局在化シグナルについての記載がある。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核局在化シグナルでもあり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核局在化シグナルと重複し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、塩基性残基のストレッチを含み得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、アルギニン及びリジン残基中に豊富であり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核小体中に豊富に存在するタンパク質に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、リボソームＲＮＡ遺伝子座に豊富に存在するタンパク質に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ｒＲＮＡに結合するタンパク質に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ＭＳＰ５８に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、単節型モチーフであり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、双節型モチーフであり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、複数の単節型又は双節型モチーフからなり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、単節型及び双節型モチーフの混合物からなり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、二重の双節型モチーフであり得る。一部の実施形態では、核小体局在化モチーフは、ＫＲＡＳＳＱＡＬＧＴＩＰＫＲＲＳＳＳＲＦＩＫＲＫＫ（配列番号５０１７）であり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核内因子κＢ誘導キナーゼに由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ＲＫＫＲＫＫＫモチーフ（配列番号５０１８）であり得る（Ｂｉｒｂａｃｈ　ｅｔ　ａｌ．，Ｊｏｕｒｎａｌ　ｏｆ　Ｃｅｌｌ　Ｓｃｉｅｎｃｅ，１１７（３６１５－３６２４），２００４に記載されている）。

【０９１７】

遺伝子組換えポリペプチド及びシステムの進化型変異体

一部の実施形態では、本発明は、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドの進化型変異体を提供する。進化型変異体は、一部の実施形態では、参照遺伝子組換えポリペプチド又はそこに含まれる断片若しくはドメインの１つを突然変異誘発させることにより生産することができる。一部の実施形態では、ドメイン（例えば、逆転写酵素ドメイン）の１つ又は複数が進化する。こうした進化型変異体ドメインの１つ又は複数は、一部の実施形態では、単独で、又は他のドメインと一緒に進化し得る。１つ又は複数の進化型変異体ドメインは、一部の実施形態では、非進化型コグネイト成分又はコグネイト成分の進化型変異体（例えば、平行若しくは連続様式で進化した可能性のあるもの）と組み合わされ得る。

【０９１８】

一部の実施形態では、参照遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメインを突然変異誘発させるプロセスは、参照遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメインを突然変異誘発させることを含む。複数の実施形態では、突然変異誘発は、例えば、本明細書に記載されるように、漸進的進化方法（例えば、ＰＡＣＥ）又は非漸進的進化方法（例えば、ＰＡＮＣＥ）を含む。一部の実施形態では、進化型遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列又はその断片若しくはドメインと比較して、そのアミノ酸配列に導入された１つ若しくは複数のアミノ酸変異を含む。複数の実施形態では、アミノ酸配列変異は、例として、例えば、コード配列内のいずれか特定の位置のコドンの変化を招く遺伝子組換えポリペプチドをコードするヌクレオチド配列の変化、１つ若しくは複数のアミノ酸の欠失（例えば、短縮タンパク質）、１つ若しくは複数のアミノ酸の挿入、又はそれらの任意の組合せの結果として、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列内に１つ若しくは複数の変異残基（

例えば、保存的置換、非保存的置換、又はそれらの組合せ）を含み得る。進化型変異体遺伝子組換えポリペプチドは、遺伝子組換えポリペプチドの１つ又は複数の成分又はドメインにおける変異体（例えば、逆転写酵素ドメインに導入された変異体）を含み得る。

【０９１９】

いくつかの態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドの進化型変異体を用いる、又はそれを含む遺伝子組換えポリペプチド、システム、キット、及び方法を提供し、例えば、遺伝子組換えポリペプチドの進化型変異体、又はＰＡＣＥ若しくはＰＡＮＣＥにより生産若しくは生産可能な遺伝子組換えポリペプチドを使用する。複数の実施形態では、非進化型参照遺伝子組換えポリペプチドは、本明細書に開示される遺伝子組換えポリペプチドである。

【０９２０】

「ファージ支援連続進化（ＰＡＣＥ）」という用語は、本明細書で使用される場合、一般に、ウイルスベクターとしてファージを使用する漸進的進化を指す。ＰＡＣＥ技術の例は、例えば、２００９年９月８日に出願され、２０１０年３月１１日に国際公開第２０１０／０２８３４７号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願番号ＰＣＴ／ＵＳ２００９／０５６１９４号明細書；２０１１年１２月２２日に出願され、２０１２年６月２８日に国際公開第２０１２／０８８３８１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１１／０６６７４７号明細書；２０１５年５月５日に発行された米国特許第９，０２３，５９４号明細書；２０１７年９月２６日に発行された米国特許第９，７７１，５７４号明細書；２０１６年７月１９日に発行された米国特許第９，３９４，５３７号明細書；２０１５年１月２０日に出願され、２０１５年９月１１日に国際公開第２０１５／１３４１２１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１５／０１２０２２号明細書；２０１９年１月１５日に発行された米国特許第１０，１７９，９１１号明細書；及び２０１６年４月１５日に出願され、２０１６年１０月２０日に国際公開第２０１６／１６８６３１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１６／０２７７９５号明細書に記載されており、これらは各々、その全体が、参照により本明細書に組み込まれる。

【０９２１】

「ファージ支援型非漸進的進化（ＰＡＮＣＥ）」という用語は、本明細書で使用される場合、一般に、ウイルスベクターとしてファージを使用する非漸進的進化を指す。ＰＡＮＣＥ技術の例は、例えば、Ｓｕｚｕｋｉ Ｔ．ｅｔ ａｌ，Ｃｒｙｓｔａｌ ｓｔｒｕｃｔｕｒｅｓ ｒｅｖｅａｌ ａｎ ｅｌｕｓｉｖｅ ｆｕｎｃｔｉｏｎａｌ ｄｏｍａｉｎ ｏｆ ｐｙｒｒｏｌｙｓｙｌ－ｔＲＮＡ ｓｙｎｔｈｅｔａｓｅ，Ｎａｔ Ｃｈｅｍ Ｂｉｏｌ．１３（１２）：１２６１－１２６６（２０１７）に記載されており、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。簡潔に述べると、ＰＡＮＣＥは、新鮮な宿主細胞（例えば、大腸菌（Ｅ．ｃｏｌｉ）細胞）全体に、進化させようとする目的の遺伝子を含有する、進化選択ファージ（ＳＰ）の連続フラスコ移入を用いる迅速なインビボ指向性進化のための技術である。ＳＰに含まれる遺伝子が漸進的に進化する間、宿主細胞内部の遺伝子を一定に保持することができる。ファージ増殖の後、感染した細胞のアリコートを用いて、宿主大腸菌（Ｅ．ｃｏｌｉ）を含有する次のフラスコをトランスフェクトすることができる。このプロセスは、所望の表現型が、例えば、所望されるだけの数の移入について進化するまで、反復及び／又は継続することができる。

【０９２２】

ＰＡＣＥ及びＰＡＮＣＥを遺伝子組換えポリペプチドに適用する方法は、とりわけ、前述の参照文献を参照することにより、当業者により容易に理解されるであろう。例えば、ファージ粒子を用いて、例えば、宿主細胞の集団中に、ゲノム修飾タンパク質若しくはシステムの漸進的進化を指令するための更なる例示的な方法を適用して、遺伝子組換えポリペプチド又はその断片又は若しくはサブドメインの進化型変異体を作製することができる。こうした方法の非限定的な例は、２００９年９月８日に出願され、２０１０年３月１１日に国際公開第２０１０／０２８３４７号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出

願、ＰＣＴ／ＵＳ２００９／０５６１９４号明細書；２０１１年１２月２２日に出願され、２０１２年６月２８日に国際公開第２０１２／０８８３８１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１１／０６６７４７号明細書；２０１５年５月５日に発行された米国特許第９，０２３，５９４号明細書；２０１７年９月２６日に発行された米国特許第９，７７１，５７４号明細書；２０１６年７月１９日に発行された米国特許第９，３９４，５３７号明細書；２０１５年１月２０日に出願され、２０１５年９月１１日に国際公開第２０１５／１３４１２１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１５／０１２０２２号明細書；２０１９年１月１５日に発行された米国特許第１０，１７９，９１１号明細書；２０１９年６月１４日に出願され、２０１９年１月３１日に国際公開第２０１９／０２３６８０号パンフレットとして公開された、国際特許出願番号ＰＣＴ／ＵＳ２０１９／３７２１６号明細書、２０１６年４月１５日に出願され、２０１６年１０月２０日に国際公開第２０１６／１６８６３１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１６／０２７７９５号明細書並びに２０１９年８月２３日に出願された国際出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１９／４７９９６号明細書に記載されており、これらは各々、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【０９２３】

いくつかの非限定的な例示的実施形態では、進化型変異体遺伝子組換えポリペプチド、その断片若しくはドメインの進化方法は、（ａ）宿主細胞の集団を、目的の遺伝子を含むウイルスベクターの集団（出発遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメイン）と接触させるステップを含み、ここで、（１）宿主細胞は、ウイルスベクターによる感染に適しており；（２）宿主細胞は、ウイルス粒子の産生に必要なウイルス遺伝子を発現し；（３）感染性ウイルス粒子の産生に必要な少なくとも１つのウイルス遺伝子の発現が、目的の遺伝子の機能に依存しており；及び／又は（４）ウイルスベクターは、宿主細胞でのタンパク質の発現を可能にし、且つ宿主細胞により複製されて、ウイルス粒子中にパッケージングされ得る。一部の実施形態では、本方法は、（ｂ）変異速度を高める（例えば、変異プラスミド又は何らかのゲノム修飾－例えば、損傷ＤＮＡプルーフリーディングポリメラーゼ、ＳＯＳ遺伝子、例えば、ＵｍｕＣ、ＵｍｕＤ’及び／若しくはＲｅｃＡ（それらの突然変異は、プラスミドと結合すると、誘導性プロモータの制御下となり得る）を輸送することにより又はそれらの組合せで）突然変異を含む宿主細胞を用いて、変異原と宿主細胞を接触させることを含む。一部の実施形態では、本方法は、（ｃ）ウイルス複製及びウイルス粒子の産生を可能にする条件下で、宿主細胞の集団をインキュベートすることを含み、ここで、宿主細胞を、宿主細胞集団から除去し、新鮮で、非感染の宿主細胞を、宿主細胞の集団に導入し、このようにして、宿主細胞の集団を補給すると共に、宿主細胞の流れを形成する。一部の実施形態では、目的の遺伝子が突然変異を取得するのを可能にする条件下で細胞をインキュベートする。一部の実施形態では、本方法は、（ｄ）宿主細胞の集団から、進化した遺伝子産物（例えば、進化型変異体遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメイン）をコードするウイルスベクターの変異バージョンを単離することを更に含む。

【０９２４】

当業者は、前述した枠組み内で使用可能な種々の特徴を理解するであろう。例えば、一部の実施形態では、ウイルスベクター又はファージは、繊維状ファージ、例えば、Ｍ１３ファージ、例えば、Ｍ１３選択ファージである。特定の実施形態では、感染性ウイルス粒子の産生に必要な遺伝子は、Ｍ１３遺伝子ＩＩＩ（ｇＩＩＩ）である。複数の実施形態では、ファージは、機能性ｇＩＩＩを欠失している場合があるが、代わりにｇＩ、ｇＩＩ、ｇＩＶ、ｇＶ、ｇＶＩ、ｇＶＩＩ、ｇＶＩＩＩ、ｇＩＸ、及びｇＸを含む。一部の実施形態では、感染性ＶＳＶ粒子の世代は、エンベロープタンパク質ＶＳＶ－Ｇを含む。様々な実施形態で、異なるレトロウイルスベクター、例えば、マウス白血病ウイルス（Ｍｕｒｉｎｅ　Ｌｅｕｋｅｍｉａ　Ｖｉｒｕｓ）ベクター、又はレンチウイルス（Ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ）ベクターが使用され得る。複数の実施形態では、レトロウイルスベクターは、例

えば、ウイルスのネイティブエンベロープタンパク質の代替物としてＶＳＶ－Ｇエンベロープタンパク質を用いて、効率的にパッケージングすることができる。

【０９２５】

一部の実施形態では、宿主細胞は、好適な数のウイルス生活環、例えば、少なくとも１０、少なくとも２０、少なくとも３０、少なくとも４０、少なくとも５０、少なくとも１００、少なくとも２００、少なくとも３００、少なくとも４００、少なくとも、５００、少なくとも６００、少なくとも７００、少なくとも８００、少なくとも９００、少なくとも１０００、少なくとも１２５０、少なくとも１５００、少なくとも１７５０、少なくとも２０００、少なくとも２５００、少なくとも３０００、少なくとも４０００、少なくとも５０００、少なくとも７５００、少なくとも１００００、又はそれ以上の連続したウイルス生活環に応じてインキュベートされ、ここで、Ｍ１３ファージの例示的且つ非限定的な例は、ウイルス生活環毎に１０～２０分である。同様に、宿主細胞が、宿主細胞の集団中に滞留する時間（例えば、約１０、約１１、約１２、約１３、約１４、約１５、約１６、約１７、約１８、約１９、約２０、約２１、約２２、約２３、約２４、約２５、約３０、約３５、約４０、約４５、約５０、約５５、約６０、約７０、約８０、約９０、約１００、約１２０、約１５０、又は約１８０分）を調整するために、条件を調節することができる。宿主細胞集団は、宿主細胞の密度、又は一部の実施形態では、流入中の宿主細胞密度、例えば、$10^3$個の細胞／ｍｌ、約$10^4$個の細胞／ｍｌ、約$10^5$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^5$個の細胞／ｍｌ、約$10^6$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^6$個の細胞／ｍｌ、約$10^7$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^7$個の細胞／ｍｌ、約$10^8$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^8$個の細胞／ｍｌ、約$10^9$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^9$個の細胞／ｍｌ、約$10^{10}$個の細胞／ｍｌ、又は約５～$10^{10}$個の細胞／ｍｌにより、一部を制御することができる。

【０９２６】

インテイン

一部の実施形態では、以下により詳細に記載されるように、インテイン－Ｎ（ｉｎｔＮ）ドメインは、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドの第１ドメインのＮ末端部分に融合され得、インテイン－Ｃ（ｉｎｔＣ）ドメインは、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドの第２のドメインのＣ末端部分に融合されて、Ｎ末端部分をＣ末端部分に連結し、それにより、第１ドメインと第２のドメインを連結し得る。一部の実施形態では、第１及び第２のドメインは、各々独立して、ＤＮＡ結合ドメイン、ＲＮＡ結合ドメイン、ＲＴドメイン、及びエンドヌクレアーゼドメインから選択される。

【０９２７】

インテインは、例えば、フランキングするＮ末端及びＣ末端エクステイン（例えば、連結しようとする断片）を連結する、自己スプライシングタンパク質イントロン（例えば、ペプチド）として存在し得る。インテインは、いくつかの事例では、自動的に切除されて、タンパク質スプライシングとして知られるプロセスで、残りの断片（エクステイン）をペプチド結合と連結させることができるタンパク質の断片を含み得る。インテインは、「タンパク質イントロン」とも呼ばれる。自動的に切除されて、タンパク質の残り部分を連結させるインテインのプロセスは、本明細書において、「タンパク質スプライシング」又は「インテイン媒介性タンパク質スプライシング」と呼ばれる。

【０９２８】

一部の実施形態では、前駆体タンパク質（インテイン媒介性タンパク質スプライシング前のインテイン含有タンパク質）のインテインは、２つの遺伝子に由来する。こうしたインテインは、本明細書において、スプリットインテイン（例えば、スプリットインテイン－Ｎ及びスプリットインテイン－Ｃ）と呼ばれる。従って、インテインベースの手法が、第１のポリペプチド配列及び第２のポリペプチド配列を一緒に連結するのに使用され得る。例えば、シアノバクテリア（ｃｙａｎｏｂａｃｔｅｒｉａ）では、ＤＮＡポリメラーゼＩＩＩの触媒サブユニットであるＤｎａＥは、２つの個別の遺伝子、ｄｎａＥ－ｎ及びｄｎａＥ－ｃによってコードされる。ｄｎａＥ－ｎ遺伝子によってコードされるものなどの

インテイン－Ｎドメインは、第１のポリペプチド配列の一部として位置する場合、第１のポリペプチド配列を第２のポリペプチド配列と連結し得、ここで、第２のポリペプチド配列は、ｄｎａＥ－ｃ遺伝子によってコードされるものなどのインテイン－Ｃドメインを含む。従って、一部の実施形態では、タンパク質は、第１及び第２のポリペプチド配列をコードする核酸（例えば、第１の核酸分子は、第１のポリペプチド配列をコードし、第２の核酸分子は、第２のポリペプチド配列をコードする）を提供することによって作製され得、核酸は、第１及び第２のポリペプチド配列の生成、及びインテインベースの機構を介した、第１のポリペプチド配列の、第２のポリペプチド配列への連結を可能にする条件下で細胞内に導入される。

【０９２９】

異種タンパク質断片を連結するためのインテインの使用は、例えば、Ｗｏｏｄ ｅｔａｌ．，Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．２８９（２１）；１４５１２－９（２０１４）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。例えば、個別のタンパク質断片に融合されると、インテインＩｎｔＮ及びＩｎｔＣは、互いを認識し、それ自体からスプライシングして、且つ／又は同時に、それらが融合されているタンパク質断片のフランキングするＮ－及びＣ末端エクステインを連結し、それにより、２つのタンパク質断片から完全長タンパク質を再構成することができる。

【０９３０】

一部の実施形態では、ｄｎａＥインテイン、Ｃｆａ－Ｎ（例えば、スプリットインテイン－Ｎ）及びＣｆａ－Ｃ（例えば、スプリットインテイン－Ｃ）インテイン対に基づく合成インテインを使用する。こうしたインテインの例は、例えば、Ｓｔｅｖｅｎｓ ｅｔａｌ．，Ｊ Ａｍ Ｃｈｅｍ Ｓｏｃ．２０１６ Ｆｅｂ．２４；１３８（７）：２１６２－５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。本開示に従って使用することができるインテイン対の非限定的な例として、Ｃｆａ ＤｎａＥインテイン、Ｓｓｐ ＧｙｒＢインテイン、Ｓｓｐ ＤｎａＸインテイン、Ｔｅｒ ＤｎａＥ３インテイン、Ｔｅｒ ＴｈｙＸインテイン、Ｒｍａ ＤｎａＢインテイン及びＣｎｅ Ｐｒｐ８インテイン（例えば、参照により本明細書に組み込まれる米国特許第８，３９４，６０４号明細書に記載されるような）が挙げられる。

【０９３１】

スプリットＣａｓ９に関わる一部の実施形態では、インテイン－Ｎドメイン及びインテイン－Ｃドメインは、スプリットＣａｓ９のＮ末端部分とスプリットＣａｓ９のＣ末端部分との連結のために、スプリットＣａｓ９のＮ末端部分及びスプリットＣａｓ９のＣ末端部分にそれぞれ融合し得る。例えば、一部の実施形態では、インテイン－Ｎを、スプリットＣａｓ９のＮ末端部分のＣ末端に融合させ、すなわち、Ｎ－［スプリットＣａｓ９のＮ末端部分］－［インテイン－Ｎ］－Ｃの構造を形成する。一部の実施形態では、インテイン－Ｃをスプリットｃａｓ９のＣ末端部分のＮ末端に融合させ、すなわち、Ｎ－［インテイン－Ｃ］－［スプリットＣａｓ９のＣ末端部分］－Ｃの構造を形成する。インテインが連結したタンパク質（例えば、スプリットＣａｓ９）を連結させるためのインテイン媒介性タンパク質スプライシングの機構は、Ｓｈａｈ ｅｔ ａｌ．，Ｃｈｅｍ Ｓｃｉ．２０１４；５（ｌ）：４４６－４６ｌ（参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。インテインを設計及び使用する方法は、当技術分野において公知であり、例えば、国際公開第２０２００５１５６１号パンフレット、国際公開第２０１４００４３３６号パンフレット、国際公開第２０１７１３２５８０号パンフレット、米国特許出願公開第２０１５０３４４５４９号明細書、及び米国特許出願公開第２０１８０１２７７８０号明細書（それらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【０９３２】

一部の実施形態では、スプリットは、２つ以上の断片への分割を指す。一部の実施形態では、スプリットＣａｓ９タンパク質又はスプリットＣａｓ９は、２つの個別のヌクレオチド配列によりコードされるＮ末端断片及びＣ末端断片として提供されるＣａｓ９タンパク質を含む。Ｃａｓ９タンパク質のＮ末端部分及びＣ末端部分に対応するポリペプチドは

スプライシングされて、再構成Ｃａｓ９タンパク質を形成し得る。実施形態では、Ｃａｓ９タンパク質は、例えば、Ｎｉｓｈｉｍａｓｕ　ｅｔ　ａｌ．，Ｃｅｌｌ，Ｖｏｌｕｍｅ１５６，Ｉｓｓｕｅ　５，ｐｐ．９３５－９４９，２０１４に記載されているか、又はＪｉａｎｇ　ｅｔ　ａｌ．（２０１６）Ｓｃｉｅｎｃｅ　３５１：８６７－８７１及びＰＤＢ　ｆｉｌｅ：５Ｆ９Ｒに記載されている（それらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）ように、タンパク質の変性領域内で２つの断片に分割される。変性領域は、当技術分野で公知の１つ又は複数のタンパク質構造決定技術により決定することができ、そうしたものとして、限定はしないが、Ｘ線結晶構造解析、ＮＭＲ分光法、電子顕微鏡法（例えば、ｃｒｙｏＥＭ）、及び／又はインシリコタンパク質モデル化が挙げられる。一部の実施形態では、タンパク質は、例えば、アミノ酸Ａ２９２－Ｇ３６４、Ｆ４４５－Ｋ４８３若しくはＥ５６５－Ｔ６３７間のＳｐＣａｓ９の領域内の任意のＣ、Ｔ、Ａ若しくはＳ又はいずれか他のＣａｓ９、Ｃａｓ９変異体（例えば、ｎＣａｓ９、ｄＣａｓ９）或いは他のｎａｐＤＮＡｂｐ内の対応する位置で２つの断片に分割される。一部の実施形態では、タンパク質は、ＳｐＣａｓ９　Ｔ３１０、Ｔ３１３、Ａ４５６、Ｓ４６９、又はＣ５７４で２つの断片に分割される。一部の実施形態では、タンパク質を２つの断片に分割するプロセスは、タンパク質の分断と呼ばれる。

【０９３３】

一部の実施形態では、タンパク質断片は、長さが約２～１０００アミノ酸（例えば、２～１０、１０～５０、５０～１００、１００～２００、２００～３００、３００～４００、４００～５００、５００～６００、６００～７００、７００～８００、８００～９００又は９００～１０００アミノ酸）の範囲である。一部の実施形態では、タンパク質断片は、長さが約５～５００アミノ酸（例えば、５～１０、１０～５０、５０～１００、１００～２００、２００～３００、３００～４００又は４００～５００アミノ酸）の範囲である。一部の実施形態では、タンパク質断片は、長さが約２０～２００アミノ酸（例えば、２０～３０、３０～４０、４０～５０、５０～１００又は１００～２００アミノ酸）の範囲である。

【０９３４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドの部分又は断片をインテインと融合させる。ヌクレアーゼをインテインのＮ末端又はＣ末端と融合させることができる。一部の実施形態では、融合タンパク質の部分又は断片をインテインと融合させると共に、ＡＡＶカプシドタンパク質と融合させる。インテイン、ヌクレアーゼ及びカプシドタンパク質を、任意の配置（例えば、ヌクレアーゼ－インテイン－カプシド、インテイン－ヌクレアーゼ－カプシド、カプシド－インテイン－ヌクレアーゼなど）で一緒に融合させることができる。一部の実施形態では、インテインのＮ末端を融合タンパク質のＣ末端と融合させ、インテインのＣ末端をＡＡＶカプシドタンパク質のＮ末端と融合させる。

【０９３５】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼＣａｓ９ドメイン）がインテイン－Ｎに融合され、ＲＴドメインを含むポリペプチドがインテイン－Ｃに融合される。

【０９３６】

インテイン－Ｎドメイン及び同等のインテイン－Ｃドメインの例示的なヌクレオチド及びアミノ酸配列を以下に記載する。

ＤｎａＥインテイン－Ｎ　ＤＮＡ：

【化１０】

TGCCTGTCATACGAAACCGAGATACTGACAGTAGAATATGGCCTTCTGCCAATCGGGAAGAT
TGTGGAGAAACGGATAGAATGCACAGTTTACTCTGTCGATAACAATGGTAACATTTATACTC
AGCCAGTTGCCCAGTGGCACGACCGGGGAGAGCAGGAAGTATTCGAATACTGTCTGGAGGA
TGGAAGTCTCATTAGGGCCACTAAGGACCACAAATTTATGACAGTCGATGGCCAGATGCTGC
CTATAGACGAAATCTTTGAGCGAGAGTTGGACCTCATGCGAGTTGACAACCTTCCTAAT
(配列番号：5029)

ＤｎａＥインテイン－Ｎタンパク質：
ＣＬＳＹＥＴＥＩＬＴＶＥＹＧＬＬＰＩＧＫＩＶＥＫＲＩＥＣＴＶＹＳＶＤＮＮＧＮＩＹ
ＴＱＰＶＡＱＷＨＤＲＧＥＱＥＶＦＥＹＣＬＥＤＧＳＬＩＲＡＴＫＤＨＫＦＭＴＶＤＧＱ
ＭＬＰＩＤＥＩＦＥＲＥＬＤＬＭＲＶＤＮＬＰＮ（配列番号５０３０）
ＤｎａＥインテイン－Ｃ　ＤＮＡ：
ＡＴＧＡＴＣＡＡＧＡＴＡＧＣＴＡＣＡＡＧＧＡＡＧＴＡＴＣＴＴＧＧＣＡＡＡＣＡＡＡ
ＡＣＧＴＴＴＡＴＧＡＴＡＴＴＧＧＡＧＴＣＧＡＡＡＧＡＧＡＴＣＡＣＡＡＣＴＴＴＧＣ
ＴＣＴＧＡＡＧＡＡＣＧＧＡＴＴＣＡＴＡＧＣＴＴＣＴＡＡＴ（配列番号５０３１）
ＤｎａＥインテイン－Ｃタンパク質：
ＭＩＫＩＡＴＲＫＹＬＧＫＱＮＶＹＤＩＧＶＥＲＤＨＮＦＡＬＫＮＧＦＩＡＳＮ（配列番号５０３２）
Ｃｆａ－Ｎ　ＤＮＡ：
【化１１】
TGCCTGTCTTATGATACCGAGATACTTACCGTTGAATATGGCTTCTTGCCTATTGGAAAGATT
GTCGAAGAGAGAATTGAATGCACAGTATATACTGTAGACAAGAATGGTTTCGTTTACACACA
GCCCATTGCTCAATGGCACAATCGCGGCGAACAAGAAGTATTTGAGTACTGTCTCGAGGATG
GAAGCATCATACGAGCAACTAAAGATCATAAATTCATGACCACTGACGGGCAGATGTTGCC
AATAGATGAGATATTCGAGCGGGGCTTGGATCTCAAACAAGTGGATGGATTG CCA (配列番号：5033)

Ｃｆａ－Ｎタンパク質：
ＣＬＳＹＤＴＥＩＬＴＶＥＹＧＦＬＰＩＧＫＩＶＥＥＲＩＥＣＴＶＹＴＶＤＫＮＧＦＶＹ
ＴＱＰＩＡＱＷＨＮＲＧＥＱＥＶＦＥＹＣＬＥＤＧＳＩＩＲＡＴＫＤＨＫＦＭＴＴＤＧＱ
ＭＬＰＩＤＥＩＦＥＲＧＬＤＬＫＱＶＤＧＬＰ（配列番号５０３４）
Ｃｆａ－Ｃ　ＤＮＡ：
ＡＴＧＡＡＧＡＧＧＡＣＴＧＣＣＧＡＴＧＧＡＴＣＡＧＡＧＴＴＴＧＡＡＴＣＴＣＣＣＡ
ＡＧＡＡＧＡＡＧＡＧＧＡＡＡＧＴＡＡＡＧＡＴＡＡＴＡＴＣＴＣＧＡＡＡＡＡＧＴＣＴ
ＴＧＧＴＡＣＣＣＡＡＡＡＴＧＴＣＴＡＴＧＡＴＡＴＴＧＧＡＧＴＧＧＡＧＡＡＡＧＡＴ
ＣＡＣＡＡＣＴＴＣＣＴＴＣＴＣＡＡＧＡＡＣＧＧＴＣＴＣＧＴＡＧＣＣＡＧＣＡＡＣ（配列番号５０３５）
Ｃｆａ－Ｃタンパク質：
ＭＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶＫＩＩＳＲＫＳＬＧＴＱＮＶＶＹＤＩＧＶＥＫＤ
ＨＮＦＬＬＫＮＧＬＶＡＳＮ（配列番号５０３６）
【０９３７】
更なるドメイン：
遺伝子組換えポリペプチドは、標的ＤＮＡ配列及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）に結合し、標的部位に切れ目を入れ、鋳型をＤＮＡに書き込み（例えば、逆転写し）、標的部位の修飾をもたらし得る。一部の実施形態では、プロセスの効率を増強するため、更なるドメインがポリペプチドに付加され得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、逆転写されたＤＮＡを標的部位のＤＮＡに連結するため、更なるＤＮＡライゲーションドメインを含み得る。一部の実施形態では、ポリペプチドは、異種ＲＮＡ結合ドメインを含み得る。一部の実施形態では、ポリペプチドは、５’から３’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性を有するドメインを含み得る（例えば、ここで５’から３’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性は、例えば、元のゲノム配列にわたる改変を意図して、標的部位の改変の修復を増強する）。一部の実施形態では、ポリペプチドは、３’から５’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性、例えば、プルーフリーディング活性を有するドメインを含み得る。一部の実施形態では、ライティングドメイン、例えばＲＴドメインは、３’から５’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性、例えば、プルーフリーディング活性を有する。
【０９３８】
鋳型核酸
本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、鋳型核酸配列を使用し、宿主標的ＤＮＡ部

位を修飾することができる。一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、ターゲットプライム逆転写（ＴＰＲＴ）により、ＲＮＡ配列鋳型を宿主標的ＤＮＡ部位に転写する。遺伝子組換えシステムは、ＲＮＡ配列鋳型の逆転写を介してＤＮＡ配列を宿主ゲノムに直接的に組み換えることにより、（例えば、ＣＲＩＳＰＲシステムと異なり）外因性ＤＮＡ配列を宿主細胞に導入する必要なく、目的配列を標的ゲノムに挿入できるとともに、外因性ＤＮＡ挿入ステップを除くことができる。遺伝子組換えシステムは、標的ゲノムから配列を欠失させるか、又は目的配列を用いて置換を導入することもできる。従って、遺伝子組換えシステムは、目的配列、例えば、異種遺伝子コーディング及び／又は機能情報を含む配列を含む、カスタマイズされたＲＮＡ配列鋳型の使用のためのプラットフォームを提供する。

【０９３９】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、遺伝子組換えポリペプチドに結合する１つ又は複数の配列（例えば、２つの配列）を含む。

【０９４０】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステム又は方法は、単一の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）を含む。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステム又は方法は、複数の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）を含む。例えば、本明細書に記載されるシステムは、（例えば、５’から３’にかけて）遺伝子組換えポリペプチド（例えば、ＤＮＡ結合ドメイン及び／又はエンドヌクレアーゼドメイン、例えば、ｇＲＮＡ）に結合する配列及び標的部位（例えば、標的ゲノム中のある部位の第２の鎖）に結合する配列を含む第１のＲＮＡ並びに（例えば、５’から３’にかけて）任意選択で、遺伝子組換えポリペプチドに結合する（例えば、ＲＴドメインに特異的に結合する）配列、異種目的配列及びＰＢＳ配列を含む第２のＲＮＡ（例えば、鋳型ＲＮＡ）を含む。一部の実施形態では、システムが複数の核酸を含む場合、各核酸は、コンジュゲートドメインを含む。一部の実施形態では、コンジュゲートドメインは、例えば、相補的配列のハイブリダイゼーションにより、核酸分子の会合を可能にする。例えば、一部の実施形態では、第１のＲＮＡは、第１のコンジュゲートドメインを含み、第２のＲＮＡは、第２のコンジュゲートドメインを含み、且つ第１及び第２のコンジュゲートドメインは、例えば、ストリンジェントな条件下で、互いにハイブリダイズすることが可能である。一部の実施形態では、ハイブリダイゼーションにおけるストリンジェントな条件は、約６５℃、４倍塩化ナトリウム／クエン酸ナトリウム（ＳＳＣ）中でのハイブリダイゼーションと、それに続く、約６５℃、１×ＳＳＣでの洗浄とを含む。

【０９４１】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、ＲＮＡを含む。一部の実施形態では、鋳型核酸は、ＤＮＡ（例えば、一本鎖又は二本鎖ＤＮＡ）を含む。

【０９４２】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、標的配列に対して相同性を有する１つ又は複数（例えば、２つ）の相同性ドメインを含む。一部の実施形態では、相同性ドメインは、約１０～２０、２０～５０、又は５０～１００ヌクレオチド長である。

【０９４３】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、例えば、遺伝子組換えポリペプチドを目的の標的部位に導くためのｇＲＮＡ配列を含み得る。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、（例えば、５’から３’にかけて）（ｉ）任意選択で、標的部位（例えば、標的ゲノム中のある部位の第２の鎖）に結合するｇＲＮＡスペーサー、（ｉｉ）任意選択で、本明細書に記載されるポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド又はＣａｓポリペプチド）に結合するｇＲＮＡスカフォールド、（ｉｉｉ）突然変異領域を含む異種目的配列（任意選択で、異種目的配列は、５’から３’にかけて、第１の相同性領域、突然変異領域、及び第２の相同性領域を含む）、並びに（ｉｖ）３’標的相同性ドメインを含むプライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含む。

【０９４４】

本明細書に記載されるゲノム編集システムの鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）成分は、典型的に、システムの遺伝子組換えポリペプチドに結合可能である。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、遺伝子組換えポリペプチドに結合可能である３’領域を有する。結合領域、例えば、３’領域は、システムの遺伝子組換えポリペプチドに結合可能である、例えば、少なくとも１、２又は３つのヘアピンループを有する構造化ＲＮＡ領域であり得る。結合領域は、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）をポリペプチドモジュールのいずれかと会合させ得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の結合領域は、ポリペプチド中のＲＮＡ結合ドメインと会合し得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の結合領域は、遺伝子組換えポリペプチドの逆転写ドメインと会合し（例えば、ＲＴドメインに特異的に結合し）得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインと会合し得、例えば、ｇＲＮＡは、Ｃａｓ９由来のＤＮＡ結合ドメインと会合する。一部の実施形態では、結合領域は、ＤＮＡ標的認識も提供し得、例えば、ｇＲＮＡは、標的ＤＮＡ配列にハイブリダイズし、且つポリペプチド、例えばＣａｓ９ドメインに結合する。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ポリペプチドの複数の成分、例えばＤＮＡ結合ドメイン及び逆転写ドメインと会合し得る。

【０９４５】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、３’末端にポリＡテールを有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、３’末端にポリＡテールを有しない。

【０９４６】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、（例えば、エクスビボ又はインビボで、例えば、対象内の、例えば標的組織又は臓器内の）標的細胞のゲノムＤＮＡ中の所与の突然変異を修正するためにカスタマイズされ得る。例えば、突然変異は、野生型配列に対する疾患関連突然変異であり得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、任意の所与の標的部位及び編集は、ある範囲の編集効率及び忠実度をもたらす遺伝子組換えシステムにおける使用のために多数の可能な鋳型ＲＮＡ分子を有するであろう。このスクリーニング負荷を部分的に減少させるために、経験的パラメータセットは、鋳型ＲＮＡ又はその一部の最適な初期インシリコ設計を確保するのに役立つ。非限定的な実例として、選択された突然変異について、以下の設計パラメータが利用され得る。一部の実施形態では、設計は、標的領域として機能するように、突然変異のいずれかの側に、約５００ｂｐ（例えば、最大で５０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、５５０、６００、６５０若しくは７００ｂｐ、及び任意選択で少なくとも２０、３０、４０、５０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、５５０、６００若しくは６５０ｂｐ）の隣接配列を得ることによって開始される。一部の実施形態では、鋳型核酸は、ｇＲＮＡを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、標的部位に結合する配列（例えば、ＣＲＩＳＰＲスペーサー）を含む。一部の実施形態では、鋳型核酸の標的領域に対する標的化における使用のための標的部位に結合する配列（例えば、ＣＲＩＳＰＲスペーサー）は、特定の遺伝子組換えポリペプチド（例えば、エンドヌクレアーゼドメイン又はライティングドメイン、例えばＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む）の使用（例えば、Ｃａｓ９の場合、２０ヌクレオチドｇＲＮＡ結合領域のすぐ３’側のＮＧＧのプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ））を検討することによって選択される。一部の実施形態では、ＣＲＩＳＰＲスペーサーは、最初に、ＰＡＭが遺伝子組換えシステム誘導編集によって破壊されることになるか否かによる順序付けによって選択される。一部の実施形態では、ＰＡＭの破壊は、編集効率を増加させ得る。一部の実施形態では、ＰＡＭは、遺伝子組換え中、（例えば、ゲノムＤＮＡ中の標的部位に対する別の修飾の一部として又はそれに加えて）サイレント突然変異（例えば、いくらかであっても、標的核酸配列によってコードされるアミノ酸残基を改変しない突然変異）を標的部位に導入することによっても破壊され得る。一部の実施形態では、ＣＲＩＳＰＲスペーサーは、配列の、それらの所望の編集位置に対応するゲノム部位の近接による順序付けによって選択される。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、ｇＲＮＡスカフォールドを含む。一部の実施

形態では、使用されるｇＲＮＡスカフォールドは、標準のスカフォールド（例えば、Ｃａｓ９の場合、５’－ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣ－３’；配列番号１１，００３）であり得るか、又は１つ又は複数のヌクレオチド置換を含み得る。一部の実施形態では、異種目的配列は、少なくとも９０％の同一性、例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有し、又は遺伝子組換えによって標的部位に書き込まれ得る任意の挿入、置換若しくは欠失を除いて、第１の鎖ニックの３’側の標的部位に対して非同一性の、１、２、３、４若しくは５つ以下の位置（例えば、第１の鎖ニックのすぐ３’側、又は第１の鎖ニックの３’側の最大で１、２、３、４若しくは５ヌクレオチド）を含む。一部の実施形態では、３’標的相同性ドメインは、少なくとも９０％の同一性、例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有し、又は第１の鎖ニックの５’側の標的部位に対して非同一性の、１、２、３、４若しくは５つ以下の位置（例えば、第１の鎖ニックのすぐ５’側、又は第１の鎖ニックの３’側の最大で１、２、３、４若しくは５ヌクレオチド）を含む。

【０９４７】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、鋳型ＲＮＡである。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数の修飾ヌクレオチドを含む。例えば、一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のデオキシリボヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡの領域は、例えば、分子の安定性を増強するため、ＤＮＡヌクレオチドで置換される。例えば、鋳型の３’末端は、ＤＮＡヌクレオチドを含み得る一方、鋳型の残り部分は、逆転写され得るＲＮＡヌクレオチドを含む。例えば、一部の実施形態では、異種目的配列は、主に又は全体的に、ＲＮＡヌクレオチド（例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％若しくは９９％のＲＮＡヌクレオチド）から構成される。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、主に又は全体的に、ＤＮＡヌクレオチド（例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％若しくは９９％のＤＮＡヌクレオチド）から構成される。他の実施形態では、ゲノムへのライティングのための異種目的配列は、ＤＮＡヌクレオチドを含み得る。一部の実施形態では、鋳型中のＤＮＡヌクレオチドは、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性の能力があるドメインによってゲノム中に複製される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ポリペプチド中のＤＮＡポリメラーゼドメインによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合、例えば、第２の鎖合成の能力もある逆転写酵素ドメインによって提供される。一部の実施形態では、鋳型分子は、ＤＮＡヌクレオチドのみで構成される。

【０９４８】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムは、本明細書に記載される鋳型ＲＮＡの配列を共に含む２つの核酸を含む。一部の実施形態では、２つの核酸は、非共有結合的に互いに会合し、例えば、直接互いに会合し（例えば、塩基対合によって）、又は１つ又は複数の更なる分子を含む複合体の一部として間接的に会合する。

【０９４９】

本明細書に記載される鋳型ＲＮＡは、５’から３’にかけて：（１）ｇＲＮＡスペーサー；（２）ｇＲＮＡスカフォールド；（３）異種目的配列（４）プライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含み得る。これらの成分のそれぞれが、ここでより詳細に記載される。

【０９５０】

ｇＲＮＡスペーサー及びｇＲＮＡスカフォールド

本明細書に記載される鋳型ＲＮＡは、遺伝子組換えシステムを標的核酸に導くｇＲＮＡスペーサー、及び鋳型ＲＮＡと遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインとの会合を促進するｇＲＮＡスカフォールドを含み得る。本明細書に記載されるシステムは、鋳型核酸の一部でないｇＲＮＡも含み得る。例えば、ｇＲＮＡスペーサー及びｇＲＮＡスカフォールドを含むが、異種目的配列又はＰＢＳ配列を含まないｇＲＮＡが使用されて、例えば、例えば本明細書において「第２の鎖ニッキング（Ｓｅｃｏｎｄ　Ｓｔｒａｎｄ　Ｎｉｃｋ

ｉｎｇ）」という表題の節に記載されるように、第２の鎖ニッキングを誘導し得る。
【０９５１】
一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、ＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質の結合に関与するスカフォールド配列と、ゲノム標的に対するユーザ定義の約２０ヌクレオチドの標的配列から構成される短い合成ＲＮＡである。完全ｇＲＮＡの構造は、Ｎｉｓｈｉｍａｓｕ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ １５６，Ｐ９３５－９４９（２０１４）に記載された。ｇＲＮＡ（単一ガイドＲＮＡに対するｓｇＲＮＡとも称される）は、人工的テトラループで接続されたｃｒＲＮＡ由来及びｔｒａｃｒＲＮＡ由来の配列からなる。ｃｒＲＮＡ配列は、ガイド（２０ｎｔ）及びリピート（１２ｎｔ）領域に分割され得る一方、ｔｒａｃｒＲＮＡ配列は、アンチリピート（１４ｎｔ）及び３つのｔｒａｃｒＲＮＡステムループに分割され得る（Ｎｉｓｈｉｍａｓｕ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ １５６，Ｐ９３５－９４９（２０１４））。実際、ガイドＲＮＡ配列は、一般に、１７～２４のヌクレオチド（例えば、１９、２０若しくは２１ヌクレオチド）の長さを有し、且つ標的核酸配列に対して相補的であるように設計される。カスタムｇＲＮＡのジェネレーター及びアルゴリズムは、有効なガイドＲＮＡの設計における使用のため、商業的に利用可能である。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、天然ＣＲＩＳＰＲシステムからの２つのＲＮＡ成分、例えばｃｒＲＮＡ及びｔｒａｃｒＲＮＡを含む。当技術分野で周知のように、ｇＲＮＡは、ｔｒａｃｒＲＮＡ（ヌクレアーゼに結合するため）及び少なくとも１つのｃｒＲＮＡ（ヌクレアーゼを編集／結合について標的化された配列に導くため）の両方からの配列を含むキメラの単一ＲＮＡ（ｓｇＲＮＡ）も含み得る。化学修飾ｓｇＲＮＡは、ＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質での使用に有効であることも証明されており；例えば、Ｈｅｎｄｅｌ ｅｔ ａｌ．（２０１５）Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．，９８５－９９１を参照されたい。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスペーサーは、標的遺伝子と会合されるＤＮＡ配列に対して相補的である核酸配列を含む。
【０９５２】
一部の実施形態では、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡの領域は、（例えば、Ｍｕｌｅｐａｔｉ ｅｔ ａｌ．Ｓｃｉｅｎｃｅ １９ Ｓｅｐ ２０１４：Ｖｏｌ．３４５，Ｉｓｓｕｅ ６２０３，ｐｐ．１４７９－１４８４に記載のように）標的ＤＮＡに結合したｇＲＮＡのアンダーワウンドリボン様構造をとる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、この非標準構造は、ＲＮＡ－ＤＮＡハイブリッドからの６ヌクレオチドごとの回転によって促進されると考えられる。従って、一部の実施形態では、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡの領域は、いくらかの間隔で、例えば、６塩基ごとの、標的部位とのミスマッチの増加を許容し得る。一部の実施形態では、標的部位に対する相同性を含むｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡの領域は、規則的間隔で、例えば、６塩基ごとに、標的部位と塩基対合する必要がないようなゆらぎ位置を有し得る。
【０９５３】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、例えば、遺伝子組換えポリペプチド（表８）のＣａｓ９ドメインに適切な長さのｇＲＮＡスペーサー配列を含む、例えば、５’末端において、標的部位に対して少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９９％若しくは１００％の相同性の少なくとも１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３若しくは２４の塩基を有する。
【０９５４】
表１２は、ｇＲＮＡ及び／又は鋳型ＲＮＡを設計するための成分を定義し、遺伝子組換えについての表８に列記されるＣａｓ変異体を適用するためのパラメータを提供する。切断部位は、検証又は予測されたプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）の要件、（ＰＡＭ部位の最も上流の塩基に対する）検証又は予測された切断部位の位置を示す。所与の酵素に対するｇＲＮＡは、ｃｒＲＮＡ、テトラループ、及びｔｒａｃｒＲＮＡ配列を連結し、標的部位でプロトスペーサーに一致するスペーサー（最小）及びスペーサー（最大）以内の長さの５’スペーサーを更に付加することによって構築され得る。更に、標的でのｓ

ｓＤＮＡニックの予測された位置は、標的プライミング逆転写を開始させるため、ニックのすぐ５’側の配列にアニールし得る鋳型ＲＮＡのＰＢＳ配列を設計するために重要である。一部の実施形態では、本明細書に記載されるｇＲＮＡスカフォールドは、５’から３’方向に、表１２のｃｒＲＮＡ、表１２の同じ行からのテトラループ、及び表１２の同じ行からのｔｒａｃｒＲＮＡ、又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む核酸配列を含む。一部の実施形態では、スカフォールドを含むｇＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡは、表１２の同じ行に示されるスペーサー（最小）及びスペーサー（最大）以内の長さを有するｇＲＮＡスペーサーを更に含む。一部の実施形態では、表１２に従う配列を有するｇＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドを更に含むシステムに含まれ、ここで、遺伝子組換えポリペプチドは、表１２の同じ行に記載されるＣａｓドメインを含む。

【０９５５】

【表１２－１】

表12. 遺伝子組換えシステムにおいて表8に列記されるCas変異体を適用するため、gRNA及び/又は鋳型RNAを設計するための成分を規定するためのパラメータ

| 変異体 | PAM(s) | 配列番号 | 切断 | ティア | スペーサー(最小) | スペーサー(最大) | crRNA | 配列番号 | テトラループ | 配列番号 | tracrRNA | 配列番号 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Nme2Cas9 | NNNNCC | 10,001 | -3 | 1 | 22 | 24 | GTTGTAGC TCCCTTTCT CATTTCG | 10,051 | GAAA | 10,101 | CGAAATGAGAAACCGTTGCTACAATAAGGC CGTCTGAAAAGATGTGCCGCAACGCTCTG CCCCTTAAAGCTTCTGCTTTAAGGGGCATC GTTTA | 10,151 |
| PpnCas9 | NNNNRTT | 10,002 | | 1 | 21 | 24 | GTTGTAGC TCCCTTTTT CATTTCGC | 10,052 | GAAA | 10,102 | GCGAAATGAAAAACGTTGTTACAATAAGA GATGAATTTCTCGCAAAGCTCTGCCTCTTG AAATTTCGGTTTCAAGAGGCATC | 10,152 |
| SauCas9 | NNGRR;N NGRRT | 10,003 | -3 | 1 | 21 | 23 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,053 | GAAA | 10,103 | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,153 |
| SauCas9-KKH | NNNRR;N NNRRT | 10,004 | -3 | 1 | 21 | 21 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,054 | GAAA | 10,104 | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,154 |
| SauriCas9 | NNGG | 10,005 | -3 | 1 | 21 | 21 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,055 | GAAA | 10,105 | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,155 |
| SauriCas9-KKH | NNRG | 10,006 | -3 | 1 | 21 | 21 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,056 | GAAA | 10,106 | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,156 |
| ScaCas9-Sc++ | NNG | 10,007 | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,057 | GAAA | 10,107 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,157 |
| SpyCas9 | NGG | 10,008 | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,058 | GAAA | 10,108 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,158 |
| SpyCas9_i_v1 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | | GAAA | 10,190 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGGACTTCGGTCCAAGTGGCACC GAGTCGGTGC | 10,193 |
| SpyCas9_i_v2 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | | GAAA | 10,191 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGGAGCTTGCTCCAAGTGGCACC GAGTCGGTGC | 10,194 |

【０９５６】

【表１２－２】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9_i_v3 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | | GAAA | 10,192 | GTTTTAGAGCTAGAAATAGCAAGTTAAAA TAAGGCTAGTCCGTTATCGACTTGAAAAA GTCGCACCGAGTCGGTGC | 10,195 |
| SpyCas9-NG | NG (NGG=NG A=NGT>N GC) | 10,009 | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,059 | GAAA | 10,109 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,159 |
| SpyCas9-SpRY | NRN>NYN | 10,010 | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,060 | GAAA | 10,110 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,160 |
| St1Cas9 | NNAGAA W>NNAG GAW=NN GGAAW | 10,011 | -3 | 1 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,061 | GTAC | 10,111 | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,161 |
| BlatCas9 | NNNNCN AA>NNNN CNDD>NN NNC | 10,012 | -3 | 1 | 19 | 23 | GCTATAGT TCCTTACT | 10,062 | GAAA | 10,112 | GGTAAGTTGCTATAGTAAGGGCAACAGAC CCGAGGCGTTGGGGATCGCCTAGCCCGTG TTTACGGGCTCTCCCCATATTCAAAATAAT GACAGACGAGCACCTTGGAGCATTTATCT CCGAGGTGCT | 10,162 |
| cCas9-v16 | NNVACT; NNVATG M;NNVAT T;NNVGCT ;NNVGTG; NNVGTT | 10,013 | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,063 | GAAA | 10,113 | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,163 |
| cCas9-v17 | NNVRRN | 10,014 | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,064 | GAAA | 10,114 | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,164 |
| cCas9-v21 | NNVACT; NNVATG M;NNVAT T;NNVGCT ;NNVGTG; NNVGTT | 10,015 | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,065 | GAAA | 10,115 | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,165 |
| cCas9-v42 | NNVRRN | 10,016 | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,066 | GAAA | 10,116 | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,166 |

【０９５７】

【表１２－３】

| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| CdiCas9 | NNRHHHY;NNRAAAY | 10,017 | | 2 | 22 | 22 | ACTGGGGT TCAG | 10,067 | GAAA | 10,117 | CTGAACCTCAGTAAGCATTGGCTCGTTTCC AATGTTGATTGCTCCGCCGGTGCTCCTTAT TTTTAAGGGCGCCGGC | 10,167 |
| CjeCas9 | NNNNRYAC | 10,018 | -3 | 2 | 21 | 23 | GTTTTAGTC CCT | 10,068 | GAAA | 10,118 | AGGGACTAAAATAAAGAGTTTGCGGGACT CTGCGGGGTTACAATCCCCTAAAACCGC | 10,168 |
| GeoCas9 | NNNNCRAA | 10,019 | | 2 | 21 | 23 | GTCATAGT TCCCCTGA | 10,069 | GAAA | 10,119 | TCAGGGTTACTATGATAAGGGCTTTCTGCC TAAGGCAGACTGACCCGCGGCGTTGGGG ATCGCCTGTCGCCCGCTTTTGGCGGGCATT CCCCATCCTT | 10,169 |
| iSpyMacCas9 | NAAN | 10,020 | -3 | 2 | 19 | 21 | GTTTTAGA GCTA | 10,070 | GAAA | 10,120 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,170 |
| NmeCas9 | NNNNGAYT;NNNNGYTT;NNNNGAYA;NNNNGTCT | 10,021 | -3 | 2 | 20 | 24 | GTTGTAGC TCCCTTTCT CATTTCG | 10,071 | GAAA | 10,121 | CGAAATGAGAACCGTTGCTACAATAAGGC CGTCTGAAAAGATGTGCCGCAACGCTCTG CCCCTTAAAGCTTCTGCTTTAAGGGGCATC GTTTA | 10,171 |
| ScaCas9 | NNG | 10,022 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,072 | GAAA | 10,122 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,172 |
| ScaCas9-HiFi-Sc++ | NNG | 10,023 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,073 | GAAA | 10,123 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,173 |
| SpyCas9-3var-NRRH | NRRH | 10,024 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,074 | GAAA | 10,124 | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,174 |
| SpyCas9-3var-NRTH | NRTH | 10,025 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,075 | GAAA | 10,125 | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,175 |
| SpyCas9-3var-NRCH | NRCH | 10,026 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,076 | GAAA | 10,126 | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,176 |

【０９５８】

【表１２－４】

| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9-HF1 | NGG | 10,027 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,077 | GAAA | 10,127 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,177 |
| SpyCas9-QQR1 | NAAG | 10,028 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,078 | GAAA | 10,128 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,178 |
| SpyCas9-SpG | NGN | 10,029 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,079 | GAAA | 10,129 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,179 |
| SpyCas9-VQR | NGAN | 10,030 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,080 | GAAA | 10,130 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,180 |
| SpyCas9-VRER | NGCG | 10,031 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,081 | GAAA | 10,131 | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,181 |
| SpyCas9-xCas | NG;GAA;GAT | 10,032 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,082 | GAAA | 10,132 | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,182 |
| SpyCas9-xCas-NG | NG | 10,033 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,083 | GAAA | 10,133 | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,183 |
| St1Cas9-CNRZ1066 | NNACAA | 10,034 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,084 | GTAC | 10,134 | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,184 |
| St1Cas9-LMG1831 | NNGCAA | 10,035 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,085 | GTAC | 10,135 | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,185 |
| St1Cas9-MTH17CL396 | NNAAAA | 10,036 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,086 | GTAC | 10,136 | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,186 |
| St1Cas9-TH1477 | NNGAAA | 10,037 | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,087 | GTAC | 10,137 | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,187 |

【０９５９】

【表１２－５】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| sRGN3.1 | NNGG | 10,038 | | 1 | 21 | 23 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,088 | GAAA | 10,138 | CAGAATCTACTGAAACAAGACAATATGTC GTGTTTATCCCATCAATTTATTGGTGGGAT TTT | 10,188 |
| sRGN3.3 | NNGG | 10,039 | | 1 | 21 | 23 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,089 | GAAA | 10,139 | CAGAATCTACTGAAACAAGACAATATGTC GTGTTTATCCCATCAATTTATTGGTGGGAT TTT | 10,189 |

【０９６０】

本明細書において、ＲＮＡ配列（例えば、鋳型ＲＮＡ配列）が、チミン（Ｔ）を含む特定の配列（例えば、表１２の配列又はその部分）を含むと記載される場合、当然ながら、ＲＮＡ配列は、Ｔの代わりにウラシル（Ｕ）を含み得る（含むことが多い）ことが理解される。例えば、ＲＮＡ配列は、表１２中の配列においてＴとして示される全ての位置においてＵを含み得る。より具体的には、本開示は、表１２の全てのｇＲＮＡスカフォールド配列に従うＲＮＡ配列を提供し、ここで、ＲＮＡ配列は、表１２中の配列において各Ｔの代わりにＵを有する。更に、末端Ｕｓ及びＴｓが、任意選択で付加されるか又はｔｒａｃｒＲＮＡ配列から除去され得、ＲＮＡとして提供される場合、修飾されるか又は非修飾で

あり得ることが理解される。特定の例に束縛されることを意図しないが、表１２において例示されるものの代替となるｇＲＮＡスカフォールド配列の形態、例えば、ヌクレオチド付加、置換若しくは欠失を有する代替的なｇＲＮＡスカフォールド配列、例えば、ステム－ループ構造が付加若しくは除去された配列は、表８において例示される異なるＣａｓ９酵素又はその誘導体と一緒にも機能し得る。ｇＲＮＡスカフォールド配列が、所与のシステム、Ｃａｓ－ＲＴ融合ポリペプチド、指示、標的突然変異、鋳型ＲＮＡ、又は送達ビヒクルについて同様に最適化され得る遺伝子組換えシステムの成分を表すことが、本明細書において考えられる。

【０９６１】

異種目的配列

本明細書に記載される鋳型ＲＮＡは、所望の配列を標的核酸に書き込むために、遺伝子組換えポリペプチドが逆転写のための鋳型として使用し得る異種目的配列を含み得る。一部の実施形態では、異種目的配列は、５’から３’に、後編集相同性領域、突然変異領域及び前編集相同性領域を含む。特定の理論に束縛されることを意図しないが、鋳型ＲＮＡにおける逆転写を行うＲＴは、最初に、前編集相同性領域、次に突然変異領域及び次に後編集相同性領域を逆転写し、それによりいずれの側にも相同性領域を有する所望の突然変異を含むＤＮＡ鎖を生成する。

【０９６２】

一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、少なくとも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、１２０、１４０、１６０、１８０、２００、５００若しくは１、０００ヌクレオチド（ｎｔ）、又は長さが、少なくとも１、１．５、２、２．５、３、３．５、４、４．５、５、５．５、６、６．５、７、７．５、８、８．５、９、９．５若しくは１０キロベースである。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、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、１２０、１４０、１６０、１８０、２００、５００、１、０００若しくは２０００ヌクレオチド（ｎｔ）以下、又は長さが、２０、１５、１０、９、８、７、６、５、４若しくは３キロベース以下である。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、３０～１０００、４０～１０００、５０～１０００、６０～１０００、７０～１０００、７４～１０００、７５～１０００、７６～１０００、７７～１０００、７８～１０００、７９～１０００、８０～１０００、８５～１０００、９０～１０００、１００～１０００、１２０～１０００、１４０～１０００、１６０～１０００、１８０～１０００、２００～１０００、５００～１０００、３０～５００、４０～５００、５０～５００、６０～５００、７０～５００、７４～５００、７５～５００、７６～５００、７７～５００、７８～５００、７９～５００、８０～５００、８５～５００、９０～５００、１００～５００、１２０～５００、１４０～５００、１６０～５００、１８０～５００、２００～５００、３０～２００、４０～２００、５０～２００、６０～２００、７０～２００、７４～２００、７５～２００、７６～２００、７７～２００、７８～２００、７９～２００、８０～２００、８５～２００、９０～２００、１００～２００、１２０～２００、１４０～２００、１６０～２００、１８０～２００、３０～１００、４０～１００、５０～１００、６０～１００、７０～１００、７４～１００、７５～１００、７６～１００、７７～１００、７８～１００、７９～１００、８０～１００、８５～１００若しくは９０～１００ヌクレオチド（ｎｔ）、又は長さが、１～２０、

１～１５、１～１０、１～９、１～８、１～７、１～６、１～５、１～４、１～３、１～２、２～２０、２～１５、２～１０、２～９、２～８、２～７、２～６、２～５、２～４、２～３、３～２０、３～１５、３～１０、３～９、３～８、３～７、３～６、３～５、３～４、４～２０、４～１５、４～１０、４～９、４～８、４～７、４～６、４～５、５～２０、５～１５、５～１０、５～９、５～８、５～７、５～６、６～２０、６～１５、６～１０、６～９、６～８、６～７、７～２０、７～１５、７～１０、７～９、７～８、８～２０、８～１５、８～１０、８～９、９～２０、９～１５、９～１０、１０～１５、１０～２０若しくは１５～２０キロベースである。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、１０～１００、１０～９０、１０～８０、１０～７０、１０～６０、１０～５０、１０～４０、１０～３０、又は１０～２０ｎｔ、例えば、長さが１０～８０、１０～５０、又は１０～２０ｎｔ、例えば、長さが約１０～２０ｎｔである。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが８～３０、９～２５、１０～２０、１１～１６又は１２～１５ヌクレオチド、例えば長さが１１～１６ｎｔである。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、編集のより大きい挿入サイズ、より大きい領域（例えば、標的領域中の第１の編集／置換及び第２の編集／置換間の距離）及び／又はより多い数の所望の編集（例えば、標的ゲノムに対する異種目的配列のミスマッチ）、より長い最適な異種目的配列をもたらし得る。

【０９６３】

特定の実施形態では、鋳型核酸は、例えば、異種コード領域をゲノムに導入し；エクソンの構造／選択的スプライシングに影響するか若しくはそれを引き起こし、例えば、１つ又は複数のエクソンのエクソンスキッピングをもたらし；内因性遺伝子の破壊を引き起こし、例えば、遺伝子ノックアウトを生成し；内因性遺伝子の転写活性化を引き起こし；内因性ＤＮＡのエピジェネティック調節を引き起こし；１つ又は複数の作動可能に連結された遺伝子の上方制御を引き起こし、例えば、遺伝子活性化若しくは過剰発現をもたらし；１つ又は複数の作動可能に連結された遺伝子の下方制御を引き起こし、例えば、遺伝子ノックダウンを生成することなどにより、宿主ゲノム機能を改変又は特定化する配列を含むように同定、設計、改変及び構築可能である、カスタマイズされたＲＮＡ配列鋳型を含む。特定の実施形態では、カスタマイズされたＲＮＡ配列鋳型は、エクソン及び／又は導入遺伝子をコードする配列を含むように、転写因子アクチベーター、リプレッサ、エンハンサーなどに対する結合部位、及びそれらの組合せを意図して、改変され得る。一部の実施形態では、カスタマイズされた鋳型は、標的部位に作動可能に連結された内因性ＲＮＡ転写物又は内因性タンパク質において発現される核酸又はペプチドタグをコードするように改変され得る。他の実施形態では、コード配列は、スプライスドナー部位、スプライスアクセプター部位、又はポリＡテールで更にカスタマイズされ得る。

【０９６４】

システムの鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、典型的に、所望の配列を標的ＤＮＡに書き込むための目的配列（例えば、異種目的配列）を含む。目的配列は、コーディング又はノンコーディング配列であり得る。鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡ遺伝子座において挿入、突然変異、又は欠失をもたらすように設計され得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡにおける挿入を引き起こすように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、異種配列を含み得、逆転写は、異種配列の標的ＤＮＡへの挿入をもたらすことになる。他の実施形態では、ＲＮＡ鋳型は、欠失を標的ＤＮＡに導入するように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、所望の欠失の上流及び下流で標的ＤＮＡに一致することがあり、逆転写は、介在配列を有しない鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）からの上流及び下流配列の複製をもたらし、例えば、介在配列の欠失を引き起こすことになる。他の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、編集を標的ＤＮＡに導入するように設計され得る。例えば、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のヌクレオチドを例外として、標的ＤＮＡ配列に一致することがあり、逆転写は、標的ＤＮＡへのこれらの編集の複製をもたらし、例えば、突然変異、例えば、トランジション又はトランスバージョン突然変異をもたらすことになる。

【０９６５】
一部の実施形態では、標的部位への目的配列の書き込みは、ヌクレオチドの置換をもたらし、例えば、ここで、目的配列の完全長は、１つ又は複数のミスマッチ塩基を有する標的部位の一致している長さに対応する。一部の実施形態では、異種目的配列は、配列変異の組合せ、例えば、同時の付加及び欠失、付加及び置換、又は欠失及び置換が存在し得るように設計され得る。
【０９６６】
一部の実施形態では、異種目的配列は、オープンリーディングフレーム又はオープンリーディングフレームの断片を含有し得る。一部の実施形態では、異種目的配列は、コザック配列を有する。一部の実施形態では、異種目的配列は、内部リボソーム進入部位を有する。一部の実施形態では、異種目的配列は、Ｔ２Ａ又はＰ２Ａ部位などの自己切断型ペプチドを有する。一部の実施形態では異種目的配列は、開始コドンを有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、スプライスアクセプター部位を有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、スプライスドナー部位を有する。例示的なスプライスアクセプター及びスプライスドナー部位は、国際公開第２０１６０４４４１６号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。例示的なスプライスアクセプター部位配列は、当業者に公知である。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、停止コドンの下流にｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、オープンリーディングフレームの停止コドンの下流にポリＡテールを有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のエクソンを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のイントロンを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、真核生物転写ターミネーターを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、増強された翻訳エレメント又は翻訳増強エレメントを含む。一部の実施形態では、ＲＮＡは、ヒトＴ細胞白血病ウイルス（ｈｕｍａｎ Ｔ－ｃｅｌｌ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＨＴＬＶ－１）Ｒ領域を含む。一部の実施形態では、ＲＮＡは、核外輸送を増強する転写後調節配列、例えば、Ｂ型肝炎ウイルス（Ｈｅｐａｔｉｔｉｓ Ｂ Ｖｉｒｕｓ）（ＨＰＲＥ）又はウッドチャック肝炎ウイルス（Ｗｏｏｄｃｈｕｃｋ Ｈｅｐａｔｉｔｉｓ Ｖｉｒｕｓ）（ＷＰＲＥ）のものを含む。
【０９６７】
一部の実施形態では、異種目的配列は、ノンコーディング配列を含有し得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、調節エレメント、例えば、プロモータ又はエンハンサー配列又はｍｉＲＮＡ結合部位を含み得る。一部の実施形態では、標的部位での目的配列の組み込みは、内因性遺伝子の上方制御をもたらすことになる。一部の実施形態では、標的部位での目的配列の組み込みは、内因性遺伝子の下方制御をもたらすことになる。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、組織特異的プロモータ又はエンハンサーを含み、その各々は、一方向又は二方向であり得る。一部の実施形態では、プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩプロモータ、ＲＮＡポリメラーゼＩＩプロモータ、又はＲＮＡポリメラーゼＩＩＩプロモータである。一部の実施形態では、プロモータは、ＴＡＴＡエレメントを含む。一部の実施形態では、プロモータは、Ｂ認識エレメントを含む。一部の実施形態では、プロモータは、転写因子のための１つ又は複数の結合部位を有する。
【０９６８】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、エピジェネティック修飾を連携させる部位を含む。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、クロマチン絶縁体を含む。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＣＴＣＦ部位又はＤＮＡメチル化に対して標的化された部位を含む。
【０９６９】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、エフェクター配列に作動可能に連結された少なくとも１つの調節領域から構成される遺伝子発現ユニットを含む。エフェクター配列は、ＲＮＡに転写される配列（例えば、コーディング配列又はノンコーデ

ィング配列、例えば、ｍｉｃｒｏＲＮＡをコードする配列）であり得る。
【０９７０】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、内因性イントロン中に標的ゲノムに挿入される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、標的ゲノムに挿入され、それにより新しいエクソンとして作用する。一部の実施形態では、異種目的配列の標的ゲノムへの挿入は、天然のエクソンの置換又は天然のエクソンのスキッピングをもたらす。
【０９７１】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、ＡＡＶＳ１、ＣＣＲ５、ＲＯＳＡ２６、又はアルブミン遺伝子座などのゲノムセーフハーバー部位中の標的ゲノムに挿入される。一部の実施形態では、遺伝子組換えを用いて、ＣＡＲをＴ細胞受容体α定常（ＴＲＡＣ）遺伝子座に組み込む（Ｅｙｑｕｅｍ ｅｔ ａｌ Ｎａｔｕｒｅ ５４３，１１３－１１７（２０１７））。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムを用いて、ＣＡＲをＴ細胞受容体β定常（ＴＲＢＣ）遺伝子座に組み込む。多くの他のセーフハーバーが、コンピューター手法によって同定されており（Ｐｅｌｌｅｎｚ ｅｔ ａｌ Ｈｕｍ Ｇｅｎ Ｔｈｅｒ ３０，８１４－８２８（２０１９））、遺伝子組換えシステム媒介性組み込みに使用可能である。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、インタージェニック又はイントラジェニック領域内のゲノムに付加される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、内因性活性遺伝子の０．１ｋｂ、０．２５ｋｂ、０．５ｋｂ、０．７５、ｋｂ、１ｋｂ、２ｋｂ、３ｋｂ、４ｋｂ、５ｋｂ、７．５ｋｂ、１０ｋｂ、１５ｋｂ、２０ｋｂ、２５ｋｂ、５０、７５ｋｂ若しくは１００ｋｂ以内のゲノム５’又は３’に付加される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、内因性プロモータ又はエンハンサー０．１ｋｂ、０．２５ｋｂ、０．５ｋｂ、０．７５、ｋｂ、１ｋｂ、２ｋｂ、３ｋｂ、４ｋｂ、５ｋｂ、７．５ｋｂ、１０ｋｂ、１５ｋｂ、２０ｋｂ、２５ｋｂ、５０、７５ｋｂ若しくは１００ｋｂ以内のゲノム５’又は３’に付加される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、例えば、５０～５０，０００塩基対（例えば、５０～４０，０００ｂｐ間、５００～３０，０００ｂｐ間、５００～２０，０００ｂｐ間、１００～１５，０００ｂｐ間、５００～１０，０００ｂｐ間、５０～１０，０００ｂｐ間、５０～５，０００ｂｐ間であり得る。
【０９７２】
鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡ遺伝子座で挿入、突然変異、又は欠失をもたらすように設計され得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡ中に挿入を引き起こすように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、異種目的配列を含み得、逆転写は、異種目的配列の標的ＤＮＡへの挿入をもたらすことになる。他の実施形態では、ＲＮＡ鋳型は、欠失を標的ＤＮＡに書き込むように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、所望の欠失の上流及び下流で標的ＤＮＡに一致することがあり、逆転写は、介在配列を有しない鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）からの上流及び下流配列の複製をもたらし、例えば、介在配列の欠失を引き起こすことになる。他の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、編集を標的ＤＮＡに書き込むように設計され得る。例えば、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のヌクレオチドを例外として、標的ＤＮＡ配列に一致することがあり、逆転写は、標的ＤＮＡへのこれらの編集の複製をもたらし、例えば、突然変異、例えば、トランジション又はトランスバージョン突然変異をもたらすことになる。
【０９７３】
一部の実施形態では、前編集相同性ドメインは、標的核酸分子に含まれる核酸配列との１００％の配列同一性を有する核酸配列を含む。
【０９７４】
ＰＢＳ配列
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＰＢＳ配列を含む。一部の

実施形態では、ＰＢＳ配列は、異種目的配列の３’側に配置され、本明細書に記載されるシステムによって修飾されるべき部位に隣接した配列に対して相補的であるか、又はシステム／遺伝子組換えポリペプチドによって修飾されるべき部位に隣接した配列に相補的な配列に対して、１、２、３、４若しくは５つ以下のミスマッチを含む。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、標的核酸分子中のニック部位の１、２、３、４、５、６、７、８、９若しくは１０ヌクレオチド以内に結合する。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列の標的核酸分子への結合は、例えば、ＴＰＲＴについてのプライマーとして作用する３’相同性ドメインによる、ターゲットプライム逆転写（ＴＰＲＴ）の開始を可能にする。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、長さが、３～５、５～１０、１０～３０、１０～２５、１０～２０、１０～１９、１０～１８、１０～１７、１０～１６、１０～１５、１０～１４、１０～１３、１０～１２、１０～１１、１１～３０、１１～２５、１１～２０、１１～１９、１１～１８、１１～１７、１１～１６、１１～１５、１１～１４、１１～１３、１１～１２、１２～３０、１２～２５、１２～２０、１２～１９、１２～１８、１２～１７、１２～１６、１２～１５、１２～１４、１２～１３、１３～３０、１３～２５、１３～２０、１３～１９、１３～１８、１３～１７、１３～１６、１３～１５、１３～１４、１４～３０、１４～２５、１４～２０、１４～１９、１４～１８、１４～１７、１４～１６、１４～１５、１５～３０、１５～２５、１５～２０、１５～１９、１５～１８、１５～１７、１５～１６、１６～３０、１６～２５、１６～２０、１６～１９、１６～１８、１６～１７、１７～３０、１７～２５、１７～２０、１７～１９、１７～１８、１８～３０、１８～２５、１８～２０、１８～１９、１９～３０、１９～２５、１９～２０、２０～３０、２０～２５若しくは２５～３０ヌクレオチド、例えば長さが１０～１７、１２～１６若しくは１２～１４ヌクレオチドである。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、長さが、５～２０、８～１６、８～１４、８～１３、９～１３、９～１２若しくは１０～１２ヌクレオチド、例えば長さが９～１２ヌクレオチドである。

【０９７５】

鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡに対していくらかの相同性を有し得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＰＢＳ配列ドメインは、標的ＤＮＡに対するアニーリング領域として機能し得ることで、標的ＤＮＡは、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の逆転写をプライムするように位置づけられる。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＲＮＡの３’末端で、標的ＤＮＡと少なくとも２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７５、２００又はそれ以上の塩基の正確な相同性を有する。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の５’末端で、少なくとも２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７５、２００又はそれ以上の塩基の、標的ＤＮＡに対する少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％又は１００％の相同性を有する。

【０９７６】

誘導性活性を有するｇＲＮＡ

一部の実施形態では、本明細書に記載されるｇＲＮＡ（例えば、鋳型ＲＮＡの一部であるｇＲＮＡ又は第２の鎖ニッキングのために使用されるｇＲＮＡ）は、誘導性活性を有する。誘導性活性は、（ｇＲＮＡに加えて）ブロッキングドメインを更に含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡによって達成され得、ブロッキングドメインの一部又は全部の配列は、ｇＲＮＡの一部又は全部に対して、少なくとも部分的に相補的である。従って、ブロッキングドメインは、ｇＲＮＡの一部又は全部に対してハイブリダイズ又は実質的にハイブリダイズ可能である。一部の実施形態では、ブロッキングドメイン及び誘導性活性ｇＲＮＡは、鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡ上に配置されることで、ｇＲＮＡは、ブロッキングドメインがｇＲＮＡに対してハイブリダイズ又は実質的にハイブリダイズされる場合の第１

の立体構造と、ブロッキングドメインがｇＲＮＡに対してハイブリダイズされない又は実質的にハイブリダイズされない場合の第２の立体構造とをとり得る。一部の実施形態では、第１の立体構造において、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、鋳型核酸結合ドメイン、ＤＮＡ結合ドメイン、又はエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質））に結合できない、又はブロッキングドメインを欠く以外には同様の鋳型ＲＮＡと比較して、実質的に減少した親和性で結合する。一部の実施形態では、第２の立体構造において、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、鋳型核酸結合ドメイン、ＤＮＡ結合ドメイン、又はエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質））に結合可能である。一部の実施形態では、ｇＲＮＡが第１又は第２の立体構造のいずれであるかは、遺伝子組換えポリペプチドの（例えば、遺伝子組換えポリペプチドが含むＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質の）ＤＮＡ結合又はエンドヌクレアーゼ活性のいずれが活性であるかに影響し得る。

【０９７７】

一部の実施形態では、第２のニックを連携させるｇＲＮＡは、誘導性活性を有する。一部の実施形態では、第２のニックを連携させるｇＲＮＡは、鋳型が逆転写された後に誘導される。一部の実施形態では、ｇＲＮＡのブロッキングドメインへのハイブリダイゼーションは、開口分子を用いて破壊され得る。一部の実施形態では、開口分子は、ｇＲＮＡ又はブロッキングドメインの一部又は全てに結合し、ｇＲＮＡのブロッキングドメインへのハイブリダイゼーションを阻害する薬剤を含む。一部の実施形態では、開口分子は、例えば、ｇＲＮＡ、ブロッキングドメイン、又は両方に対して部分的に又は全体的に相補的である配列を含む核酸を含む。適切な開口分子を選択又は設計することにより、開口分子の提供は、それがＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質と会合し、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質の関連機能（例えば、ＤＮＡ結合及び／又はエンドヌクレアーゼ活性）を提供し得るように、ｇＲＮＡの立体構造の変化を促進し得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、選択された時間及び／又は位置での開口分子の提供は、ｇＲＮＡ、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質、又はそれらを含む遺伝子組換えシステムの活性の空間的及び時間的制御を可能にし得る。一部の実施形態では、開口分子は、遺伝子組換えポリペプチド及び／又は鋳型核酸を含む細胞に対して外因性である。一部の実施形態では、開口分子は、（例えば、遺伝子組換えポリペプチド並びに／又はｇＲＮＡ及びブロッキングドメインを含む鋳型核酸を含む細胞に対して内因性である）内因性薬剤を含む。例えば、誘導性ｇＲＮＡ、ブロッキングドメイン、及び開口分子は、開口分子が標的細胞又は組織内で発現される内因性薬剤であるように選択され得、例えば、それにより、標的細胞又は組織内での遺伝子組換えシステムの活性が確認される。更なる例として、誘導性ｇＲＮＡ、ブロッキングドメイン、及び開口分子は、開口分子が１つ又は複数の非標的細胞又は組織内で存在しないか又は実質的に発現されないように選択され得、例えば、それにより、遺伝子組換えシステムの活性は、１つ又は複数の非標的細胞又は組織内で存在しないか若しくは実質的に存在しない、又は標的細胞又は組織と比較して低下したレベルで存在することが確認される。例示的なブロッキングドメイン、開口分子、及びその使用については、ＰＣＴ出願公開の国際公開第２０２００４４０３９Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。一部の実施形態では、鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドの１つ又は複数の成分による、例えば、逆転写酵素又はＲＮＡ結合ドメインによる結合のための１つ又は複数の配列又は構造、及びｇＲＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドの鋳型核酸結合ドメイン（例えば、ＲＮＡ結合ドメイン）との相互作用を促進する。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドを、例えば、標的細胞ゲノム中の一致する標的配列に導く。

【０９７８】

遺伝子組換えシステムにおける環状ＲＮＡ及びリボザイム

標的細胞内での製剤化、送達又は遺伝子組換え反応中、環状及び／又は線状ＲＮＡ状態を使用することが有用であり得ると考えられる。従って、本明細書に記載の態様のいずれ

かの一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、１つ又は複数の環状ＲＮＡ（ｃｉｒｃＲＮＡ）を含む。本明細書に記載の態様のいずれかの一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、１つ又は複数の線状ＲＮＡを含む。一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型核酸、遺伝子組換えポリペプチド又は両方をコードする核酸分子）は、ｃｉｒｃＲＮＡである。一部の実施形態では、環状ＲＮＡ分子は、遺伝子組換えポリペプチドをコードする。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡ分子は、宿主細胞に送達される。一部の実施形態では、環状ＲＮＡ分子は、例えば、本明細書に記載されるようなリコンビナーゼをコードする。一部の実施形態では、リコンビナーゼをコードするｃｉｒｃＲＮＡ分子は、宿主細胞に送達される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡ分子は、翻訳前に（例えば、宿主細胞内で、例えば、宿主細胞の核内で）線状化される。

【０９７９】

環状ＲＮＡ（ｃｉｒｃＲＮＡ）は、細胞内で天然に生じることが見出されており、ヒト細胞内での非コード及びタンパク質をコードする役割の両方を含む、多様な機能を有することが見出されている。ｃｉｒｃＲＮＡが、ＲＮＡの環状化をもたらすように、自己スプライシングイントロンをＲＮＡ分子（又はＲＮＡ分子をコードするＤＮＡ）に組み込むことによって改変され得、改変されたｃｉｒｃＲＮＡが、増強されたタンパク質の生成及び安定性を有し得ることが示されている（Ｗｅｓｓｅｌｈｏｅｆｔ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔｕｒｅ　Ｃｏｍｍｕｎｉｃａｔｉｏｎｓ　２０１８）。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ｃｉｒｃＲＮＡとしてコードされる。特定の実施形態では、鋳型核酸は、ｄｓＤＮＡ又はｓｓＤＮＡなどのＤＮＡである。特定の実施形態では、ｃｉｒｃＤＮＡは、鋳型ＲＮＡを含む。

【０９８０】

一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、１つ又は複数のリボザイム配列を含む。一部の実施形態では、リボザイム配列は、例えば宿主細胞内で、自己切断のため、活性化され、例えば、それにより、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化をもたらす。一部の実施形態では、リボザイムは、マグネシウムの濃度が、例えば宿主細胞内で、切断にとって十分なレベルに達するとき、活性化される。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、宿主細胞への送達の前、低いマグネシウム環境下で維持される。一部の実施形態では、リボザイムは、タンパク質応答性リボザイムである。一部の実施形態では、リボザイムは、核酸応答性リボザイムである。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、切断部位を含む。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、第２の切断部位を含む。

【０９８１】

一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、標的細胞の核内で線状化される。一部の実施形態では、細胞の核内でのｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、例えば、切断事象を活性化するため、細胞の核内に存在する成分に関連する。一部の実施形態では、核エレメント、例えば、核タンパク質、例えば、ゲノムと相互作用するタンパク質、例えば、エピジェネティック修飾因子、例えば、ＥＺＨ２に対して応答性がある、リボザイム、例えば、Ｂ２又はＡＬＵエレメント由来のリボザイムは、例えば、遺伝子組換えシステムの、ｃｉｒｃＲＮＡに組み込まれる。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡの核局在化は、リボザイムの自己触媒活性の増加及びｃｉｒｃＲＮＡの線状化をもたらす。

【０９８２】

一部の実施形態では、リボザイムは、遺伝子組換えシステムの他の成分の１つ又は複数に対して異種である。一部の実施形態では、誘導性リボザイム（例えば、本明細書に記載されるｃｉｒｃＲＮＡ中）は、例えば、タンパク質リガンド応答性のアプタマー設計を用いることによって合成的に作製される。ＭＳ２コートタンパク質アプタマーを有するタバコ輪斑ウイルス（ｔｏｂａｃｃｏ　ｒｉｎｇｓｐｏｔ　ｖｉｒｕｓ）ハンマーヘッド型リボザイムのサテライトＲＮＡを使用するためのシステムは、ＭＳ２コートタンパク質の存在下で、リボザイム活性の活性化をもたらすことが記載されている（Ｋｅｎｎｅｄｙ　ｅｔ　ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ　Ａｃｉｄｓ　Ｒｅｓ　４２（１９）：１２３０６－１２３２

１（２０１４）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる））。複数の実施形態では、こうしたシステムは、細胞質又は核に局在されたタンパク質リガンドに応答する。一部の実施形態では、タンパク質リガンドは、ＭＳ２でない。標的リガンドに対するＲＮＡアプタマーを作製する方法は、例えば、指数関数的濃縮（ＳＥＬＥＸ）によるリガンドの系統的進化に基づき、記載されており（Ｔｕｅｒｋ ａｎｄ Ｇｏｌｄ，Ｓｃｉｅｎｃｅ ２４９（４９６８）：５０５－５１０（１９９０）；Ｅｌｌｉｎｇｔｏｎ ａｎｄ Ｓｚｏｓｔａｋ，Ｎａｔｕｒｅ ３４６（６２８７）：８１８－８２２（１９９０）；それらの各々の方法は参照により本明細書に組み込まれる）、いくつかの事例では、インシリコ設計によって支援されている（Ｂｅｌｌ ｅｔ ａｌ．ＰＮＡＳ １１７（１５）：８４８６－８４９３、それらの方法は参照により本明細書に組み込まれる）。従って、一部の実施形態では、標的リガンドに対するアプタマーは、合成リボザイムシステム中に作製され、組み込まれ、例えば、例えば、タンパク質リガンドの存在下で、リボザイム媒介性切断及びｃｉｒｃＲＮＡの線状化を誘起する。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、例えば、細胞質内でリガンドと会合するアプタマーを用いて、細胞質内で誘起される。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、例えば、核内でリガンドと会合するアプタマーを用いて、核内で誘起される。複数の実施形態では、核内のリガンドは、エピジェネティック修飾因子又は転写因子を含む。一部の実施形態では、線状化を誘起するリガンドは、オンターゲット細胞内に、オフターゲット細胞より高いレベルで存在する。

【０９８３】

更に、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化のため、核酸応答性リボザイムシステムが使用され得ると考えられる。例えば、リボザイム活性化を誘起するための、規定された標的核酸分子を感知するバイオセンサーは、例えば、Ｐｅｎｃｈｏｖｓｋｙ（Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ Ａｄｖａｎｃｅｓ ３２（５）：１０１５－１０２７（２０１４）、参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。これらの方法により、リボザイムは、天然に不活性状態にフォールドし、規定された標的核酸分子（例えば、ＲＮＡ分子）の存在下のみで活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのｃｉｒｃＲＮＡは、規定された標的核酸、例えば、ＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ、ｍｉＲＮＡ、ガイドＲＮＡ、ｇＲＮＡ、ｓｇＲＮＡ、ｎｃＲＮＡ、ｌｎｃＲＮＡ、ｔＲＮＡ、ｓｎＲＮＡ又はｍｔＲＮＡの存在下で活性化される、核酸応答性リボザイムを含む。一部の実施形態では、線状化を誘起する核酸は、オンターゲット細胞内に、オフターゲット細胞より高いレベルで存在する。

【０９８４】

本明細書中の態様のいずれかの一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、目的の標的組織又は標的細胞に対する誘導特異性を有する１つ又は複数のリボザイム、例えば、目的の標的組織又は標的細胞においてより高いレベルで存在するリガンド又は核酸によって活性化されるリボザイムを組み込む。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、細胞内区画、例えば、核、核小体、細胞質、又はミトコンドリアに対する誘導特異性を有するリボザイムを組み込む。一部の実施形態では、リボザイムは、標的細胞内区画中により高いレベルで存在するリガンド又は核酸によって活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのＲＮＡ成分は、例えば、線状化によって活性化される、ｃｉｒｃＲＮＡとして提供される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、翻訳のための分子を活性化する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのｃｉｒｃＲＮＡ成分を活性化するシグナルが、オンターゲット細胞又は組織内により高いレベルで存在することで、例えば、システムは、これらの細胞内で特異的に活性化される。

【０９８５】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのＲＮＡ成分は、線状化によって不活性化されるｃｉｒｃＲＮＡとして提供される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡは、切断及び分解によって不活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡは、翻訳シグナルをポリペプチドのコーディング配列から分離する切断によって不活性化される。一部の実施形態

では、遺伝子組換えシステムのｃｉｒｃＲＮＡ成分を不活性化するシグナルが、オフターゲット細胞又は組織内により高いレベルで存在することで、システムは、これらの細胞内で特異的に不活性化される。

【０９８６】

標的核酸部位

一部の実施形態では、遺伝子組換え後、編集された配列周囲の標的部位は、例えば、Ｋａｒｓｔ　ｅｔ　ａｌ．（２０２０）ｂｉｏＲｘｉｖ　ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例として、例えば、標的部位のロングリードアンプリコン配列決定により判定して、編集事象の約５０％又は１０％未満において、限られた数の挿入又は欠失を含む。一部の実施形態では、標的部位は、例えば、Ｋａｒｓｔ　ｅｔ　ａｌ．ｂｉｏＲｘｉｖ　ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（２０２０）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、標的部位のロングリードアンプリコン配列決定により判定して、複数の連続した編集事象、例えば、ヘッドトゥーテール又はヘッドトゥヘッド重複を示さない。一部の実施形態では、標的部位は、鋳型ＲＮＡに対応する組み込まれた配列を含む。一部の実施形態では、標的部位は、例えば、Ｋａｒｓｔ　ｅｔ　ａｌ．ｂｉｏＲｘｉｖ　ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（２０２０）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、標的部位のロングリードアンプリコン配列決定により判定して、事象の約１％又は１０％超において、内因性ＲＮＡから得られる挿入を含まない。一部の実施形態では、標的部位は、鋳型ＲＮＡに対応する組み込まれた配列を含む。

【０９８７】

本発明の特定の態様では、遺伝子組換えシステムによって組み込まれる宿主ＤＮＡ結合部位は、遺伝子内、イントロン内、エクソン内、ＯＲＦ内、任意の遺伝子のコード領域外、遺伝子の調節領域内、又は遺伝子の調節領域外に存在し得る。他の態様では、ポリペプチドは、１つ又は２つ以上の宿主ＤＮＡ配列に結合し得る。

【０９８８】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムを用いて、複数の対立遺伝子中の標的遺伝子座を編集する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、特定の対立遺伝子を編集するように設計される。例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、一方の対立遺伝子上のみに存在する特定の配列に導かれ得、例えば、標的対立遺伝子、例えば、第２のコグネイト対立遺伝子に対してではなく、ｇＲＮＡ又はアニーリングドメインに対して相同性を有する鋳型ＲＮＡを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、ハプロタイプに特異的な対立遺伝子を改変し得る。一部の実施形態では、特定の対立遺伝子を標的にする遺伝子組換えシステムは、その対立遺伝子を優先的に標的にし、例えば、標的対立遺伝子に対する少なくとも２、４、６、８、又は１０倍の優先性を有する。

【０９８９】

第２の鎖ニッキング

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムは、第１の鎖に切れ目を入れるニッカーゼ活性（例えば、遺伝子組換えポリペプチド中）、及び標的ＤＮＡの第２の鎖に切れ目を入れるニッカーゼ活性（例えば、遺伝子組換えポリペプチドと別個のポリペプチド中）を含む。本明細書に記載されるように、特定の理論に束縛されることを意図しないが、標的部位ＤＮＡの第１の鎖のニッキングは、鋳型ＲＮＡの配列、例えば、異種目的配列を逆転写するために、ＲＴドメインによって使用され得る３’ＯＨを提供すると考えられる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、更なるニックの第２の鎖への導入が、元のゲノム配列より高頻度で異種目的配列ベースの配列をとるように細胞ＤＮＡ修復機構をバイアスし得ると考えられる。一部の実施形態では、第２の鎖に対する更なるニックが、第１の鎖に対するニックとして同じエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼドメイン）によって作製される。一部の実施形態では、同じ遺伝子組換えポリペプチドは、第１の鎖に対するニック及び第２の鎖に対するニックの両方の機能を果た

す。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含み、第２の鎖に対する更なるニックは、例えば、第２の鎖に切れ目を入れるようにＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを導く第２のｇＲＮＡを含む更なる核酸によって導かれる。他の実施形態では、更なる第２の鎖ニックは、第１の鎖に対するニックと異なるエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼドメイン）によって作製される。一部の実施形態では、その異なるエンドヌクレアーゼドメインは、遺伝子組換えポリペプチドと別個に、更なるポリペプチド中に位置する（例えば、本発明のシステムは、更なるポリペプチドを更に含む）。一部の実施形態では、更なるポリペプチドは、本明細書に記載されるエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼドメイン）を含む。一部の実施形態では、更なるポリペプチドは、例えば、本明細書に記載されるＤＮＡ結合ドメインを含む。

【０９９０】

第１の鎖ニックと比較して、第２の鎖ニックが生じる位置は、所望の遺伝子組換えＤＮＡ修飾が得られる範囲、望まれない二本鎖切断（ＤＳＢ）が生じる範囲、望まれない挿入が生じる範囲、又は望まれない欠失が生じる範囲の１つ又は複数に影響し得ることは、本明細書で企図される。特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニッキングは、２つの一般的な方向性：内向きニック（ｉｎｗａｒｄ　ｎｉｃｋ）及び外向きニック（ｏｕｔｗａｒｄ　ｎｉｃｋ）において生じ得る。

【０９９１】

一部の実施形態では、内向きニック方向性において、ＲＴドメインは、第２の鎖ニックから離れて（例えば、鋳型ＲＮＡ（例えば、異種目的配列）を用いて）重合する。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第１の鎖に対するニックの位置及び第２の鎖に対するニックの位置は、第１のＰＡＭ部位と第２のＰＡＭ部位との間に位置づけられる（例えば、両方のニックが、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含むポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド）によって作製される状況で）。外側に２つのＰＡＭが存在し、内側に２つのニックが存在する場合、この内向きニック方向性は、「ＰＡＭ－アウト」とも呼ばれ得る。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第１の鎖に対するニックの位置及び第２の鎖に対するニックの位置は、ポリペプチドが標的ＤＮＡに結合する部位と更なるポリペプチドが標的ＤＮＡに結合する部位との間に存在する。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第２の鎖に対するニックの位置は、ポリペプチド及び更なるポリペプチドの結合部位間に位置づけられ、第１の鎖に対するニックも、ポリペプチド及び更なるポリペプチドの結合部位間に位置する。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第１の鎖に対するニックの位置及び第２の鎖に対するニックの位置は、ＰＡＭ部位と、標的部位から距離を置いた第２のポリペプチドの結合部位との間に位置づけられる。

【０９９２】

内向きニック方向性を提供する遺伝子組換えシステムの例は、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、第１の鎖上の標的部位ＤＮＡのニッキングを導くｇＲＮＡを含む鋳型ＲＮＡ、及び第１のニックの位置から距離を置いた部位でニッキングを導く更なるｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、２つのｇＲＮＡが遺伝子組換えポリペプチドを導く部位のＰＡＭ部位間に存在する。更なる例として、内向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む更なるポリペプチド、及び第２の鎖上の標的部位ＤＮＡから距離を置いた部位に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導くｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；第１のニックの位置及び第２のニックの位置が、ＰＡＭ部位とジンクフィンガー分子が結合する部位との間に存在する。更なる例として、内向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＴＡＬエフェクター分子及び第２のニッカーゼドメインを含む更なるポリペプチ

ドを含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；ここで、ＴＡＬエフェクター分子は、第２の鎖に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導く様式で標的部位から距離を置いた部位に結合し、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、ＴＡＬエフェクター分子が結合する部位とジンクフィンガー分子が結合する部位との間に存在する。

【０９９３】

一部の実施形態では、外向きニック方向性において、ＲＴドメインは、（例えば、鋳型ＲＮＡ（例えば、異種目的配列）を用いて）第２の鎖ニックに向けて重合する。一部の実施形態では、外向きニック方向性において、第１及び第２のニックの両方がＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含むポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド）によって作製される場合、第１のＰＡＭ部位及び第２のＰＡＭ部位は、第１の鎖に対するニックの位置と第２の鎖に対するニックの位置との間に位置づけられる。内側に２つのＰＡＭが存在し、外側に２つのニックが存在する場合、この外向きニック方向性は、「ＰＡＭ－イン」とも呼ばれる。一部の実施形態では、外向きニック方向性において、ポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド）及び更なるポリペプチドは、第１の鎖に対するニックの位置と第２の鎖に対するニックの位置との間の標的ＤＮＡ上の部位に結合する。一部の実施形態では、外向きニック方向性において、第２の鎖に対するニックの位置は、第１の鎖に対するニックの位置に対する、ポリペプチド及び更なるポリペプチドの結合部位の反対側に位置づけられる。一部の実施形態では、外向き方向性において、ＰＡＭ部位及び標的部位から距離を置いた第２のポリペプチドの結合部位は、第１の鎖に対するニックの位置と第２の鎖に対するニックの位置との間に位置づけられる。

【０９９４】

外向きニック方向性を提供する遺伝子組換えシステムの例は、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、第１の鎖上の標的部位ＤＮＡのニッキングを導くｇＲＮＡを含む鋳型ＲＮＡ、及び第１のニックの位置から距離を置いた部位でニッキングを導く更なるｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、２つのｇＲＮＡが遺伝子組換えポリペプチドを導く部位のＰＡＭ部位外側に存在する（すなわち、ＰＡＭ部位は、第１のニックの位置と第２のニックの位置との間に存在する）。更なる例として、外向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む更なるポリペプチド並びに第２の鎖上の標的部位ＤＮＡから距離を置いた部位に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導くｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、ＰＡＭ部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位の外側に存在する（すなわち、ＰＡＭ部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位は、第１のニックの位置と第２のニックの位置との間に存在する）。更なる例として、外向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＴＡＬエフェクター分子及び第２のニッカーゼドメインを含む更なるポリペプチドを含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；ここで、ＴＡＬエフェクター分子は、第２の鎖に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導く様式で標的部位から距離を置いた部位に結合し、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、ＴＡＬエフェクター分子が結合する部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位の外側に存在する（すなわち、ＴＡＬエフェクター分子が結合する部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位は、第１のニックの位置と第２のニックの位置との間に存在する）。

【０９９５】

特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニックが提供される遺伝子組換

えシステムの場合、外向きニック方向性が一部の実施形態において好ましいと考えられる。本明細書に記載のように、内向きニックは、外向きニック方向性より多い数の二本鎖切断（ＤＳＢ）を生成し得る。ＤＳＢは、細胞の核内のＤＳＢ修復経路によって認識され得、望まれない挿入及び欠失を生じ得る。外向きニック方向性は、ＤＳＢ形成のリスク低減、及び対応するより少量の望まれない挿入及び欠失を提供し得る。一部の実施形態では、望まれない挿入及び欠失は、異種目的配列によってコードされない挿入及び欠失、例えば、異種目的配列によってコードされる修飾と無関係の二本鎖切断修復経路によって生成される挿入又は欠失である。一部の実施形態では、所望の遺伝子組換えは、異種目的配列によってコードされる（例えば、異種目的配列を標的部位に書き込む遺伝子組換えによって達成される）標的ＤＮＡに対する改変（例えば、置換、挿入、又は欠失）を含む。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、外向きの方向性である。

【０９９６】

更に、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離は、所望の遺伝子組換えシステムＤＮＡ修飾が得られる範囲、望まれない二本鎖切断（ＤＳＢ）が生じる範囲、望まれない挿入が生じる範囲、又は望まれない欠失が生じる範囲の１つ又は複数に影響し得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニックは、異種目的配列の標的ＤＮＡへの組み込みに向けてＤＮＡ修復をバイアスすることが、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の減少に応じて増加することから有利であると考えられる。しかしながら、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の減少に応じてＤＳＢ形成のリスクも増加すると考えられる。それに応じて、望まれない挿入及び／又は欠失の数が、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の減少に応じて増加し得ると考えられる。一部の実施形態では、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離は、異種目的配列の標的ＤＮＡへの組み込みに向けてＤＮＡ修復をバイアスする利点と、ＤＳＢ形成及び望まれない欠失及び／又は挿入のリスクとを均衡させるように選択される。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックが少なくとも閾値距離離れている場合のシステムは、第１のニック及び第２のニックが閾値距離未満離れている場合のそれ以外には同様の内向きニック方向性システムと比較して、所望の遺伝子組換えシステム修飾結果のレベル増加、望まれない欠失のレベル低下、及び／又は望まれない挿入のレベル低下を有する。一部の実施形態では、閾値距離は、以下に与えられる。

【０９９７】

一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、少なくとも２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド離れている。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０、２００若しくは２５０ヌクレオチド以下離れている。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、２０～２００、３０～２００、４０～２００、５０～２００、６０～２００、７０～２００、８０～２００、９０～２００、１００～２００、１１０～２００、１２０～２００、１３０～２００、１４０～２００、１５０～２００、１６０～２００、１７０～２００、１８０～２００、１９０～２００、２０～１９０、３０～１９０、４０～１９０、５０～１９０、６０～１９０、７０～１９０、８０～１９０、９０～１９０、１００～１９０、１１０～１９０、１２０～１９０、１３０～１９０、１４０～１９０、１５０～１９０、１６０～１９０、１７０～１９０、１８０～１９０、２０～１８０、３０～１８０、４０～１８０、５０～１８０、６０～１８０、７０～１８０、８０～１８０、９０～１８０、１００～１８０、１１０～１８０、１２０～１８０、１３０～１８０、１４０～１８０、１５０～１８０、１６０～１８０、１７０～１８０、２０～１７０、３０～１７０、４０～１７０、５０～１７０、６０～１７０、７０～１７０、８０～１７０、９０～１７０、１００～１７０、１１０～１７０、１２０～１７０、１３０～１７０、１４０～１７０、１５０～１７０、１６０～１７０、２０～１６

０、３０～１６０、４０～１６０、５０～１６０、６０～１６０、７０～１６０、８０～１６０、９０～１６０、１００～１６０、１１０～１６０、１２０～１６０、１３０～１６０、１４０～１６０、１５０～１６０、２０～１５０、３０～１５０、４０～１５０、５０～１５０、６０～１５０、７０～１５０、８０～１５０、９０～１５０、１００～１５０、１１０～１５０、１２０～１５０、１３０～１５０、１４０～１５０、２０～１４０、３０～１４０、４０～１４０、５０～１４０、６０～１４０、７０～１４０、８０～１４０、９０～１４０、１００～１４０、１１０～１４０、１２０～１４０、１３０～１４０、２０～１３０、３０～１３０、４０～１３０、５０～１３０、６０～１３０、７０～１３０、８０～１３０、９０～１３０、１００～１３０、１１０～１３０、１２０～１３０、２０～１２０、３０～１２０、４０～１２０、５０～１２０、６０～１２０、７０～１２０、８０～１２０、９０～１２０、１００～１２０、１１０～１２０、２０～１１０、３０～１１０、４０～１１０、５０～１１０、６０～１１０、７０～１１０、８０～１１０、９０～１１０、１００～１１０、２０～１００、３０～１００、４０～１００、５０～１００、６０～１００、７０～１００、８０～１００、９０～１００、２０～９０、３０～９０、４０～９０、５０～９０、６０～９０、７０～９０、８０～９０、２０～８０、３０～８０、４０～８０、５０～８０、６０～８０、７０～８０、２０～７０、３０～７０、４０～７０、５０～７０、６０～７０、２０～６０、３０～６０、４０～６０、５０～６０、２０～５０、３０～５０、４０～５０、２０～４０、３０～４０若しくは２０～３０ヌクレオチド離れている。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、４０～１００ヌクレオチド離れている。

【０９９８】

特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニックが提供され、且つ内向きニック方向性が選択される遺伝子組換えシステムの場合、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の増加が好ましいことがあると考えられる。本明細書に記載のように、内向きニック方向性は、外向きニック方向性よりも多い数のＤＳＢを生成し得、外向きニック方向性よりも多い量の望まれない挿入及び欠失をもたらし得るが、ニック間の距離の増加が、ＤＳＢ、望まれない欠失、及び／又は望まれない挿入のそうした増加を緩和し得る。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックが少なくとも閾値距離離れている場合の内向きニック方向性は、第１のニック及び第２のニックが閾値距離未満離れている場合のそれ以外には同様の内向きニック方向性システムと比較して、所望の遺伝子組換えシステム修飾結果のレベル増加、望まれない欠失のレベル低下、及び／又は望まれない挿入のレベル低下を有する。一部の実施形態では、閾値距離は、以下に与えられる。

【０９９９】

一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、内向き方向性である。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、内向き方向性であり、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、少なくとも１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０、２００、２２０、２４０、２６０、２８０、３００、３５０、４００、４５０若しくは５００ヌクレオチド離れており、例えば、少なくとも１００ヌクレオチド離れている（及び任意選択で５００、４００、３００、２００、１９０、１８０、１７０、１６０、１５０、１４０、１３０若しくは１２０ヌクレオチド以下離れている）。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、内向き方向性であり、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、１００～２００、１１０～２００、１２０～２００、１３０～２００、１４０～２００、１５０～２００、１６０～２００、１７０～２００、１８０～２００、１９０～２００、１００～１９０、１１０～１９０、１２０～１９０、１３０～１９０、１４０～１９０、１５０～１９０、１６０～１９０、１７０～１９０、１８０～１９０、１００～１８０、１１０～１８０、１２０～１８０、１３０～１８０、１４０～１８０、１５０～１８０、１６０～１８０、１７０～１８０、１００～１７０、１１０～１７０、１２０～１７０、１３０～１７０、１４０～１７０、１５０～１７０、１６０～１７０、１００～１６０、１１０～１６０、１２０～１６０、１３０～１６０、１４０～１６０、１５０～１６０、１００～１５０、１１０～１５

０、１２０～１５０、１３０～１５０、１４０～１５０、１００～１４０、１１０～１４０、１２０～１４０、１３０～１４０、１００～１３０、１１０～１３０、１２０～１３０、１００～１２０、１１０～１２０若しくは１００～１１０ヌクレオチド離れている。

【１０００】

化学修飾核酸及び核酸末端の特徴

本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡ；又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ｍＲＮＡ）；又はｇＲＮＡ）は、非修飾又は修飾核酸塩基を含み得る。天然に存在するＲＮＡは、４つの塩基性リボヌクレオチド：ＡＴＰ、ＣＴＰ、ＵＴＰ及びＧＴＰから合成されるが、転写後修飾ヌクレオチドを含み得る。更に、ＲＮＡにおいて、約１００の異なるヌクレオシド修飾が同定されている（Ｒｏｚｅｎｓｋｉ，Ｊ，Ｃｒａｉｎ，Ｐ，ａｎｄ ＭｃＣｌｏｓｋｅｙ，Ｊ．（１９９９）．Ｔｈｅ ＲＮＡ Ｍｏｄｉｆｉｃａｔｉｏｎ Ｄａｔａｂａｓｅ：１９９９ ｕｐｄａｔｅ．Ｎｕｃｌ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ２７：１９６－１９７）。ＲＮＡは、天然に存在しない、全体的に合成のヌクレオチドも含み得る。

【１００１】

一部の実施形態では、化学修飾は、国際公開第２０１６／１８３４８２号パンフレット、米国特許出願公開第２００９０２８６８５２号明細書、国際特許の国際公開第２０１２／０１９１６８号パンフレット、国際公開第２０１２／０４５０７５号パンフレット、国際公開第２０１２／１３５８０５号パンフレット、国際公開第２０１２／１５８７３６号パンフレット、国際公開第２０１３／０３９８５７号パンフレット、国際公開第２０１３／０３９８６１号パンフレット、国際公開第２０１３／０５２５２３号パンフレット、国際公開第２０１３／０９０６４８号パンフレット、国際公開第２０１３／０９６７０９号パンフレット、国際公開第２０１３／１０１６９０号パンフレット、国際公開第２０１３／１０６４９６号パンフレット、国際公開第２０１３／１３０１６１号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６９号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１７３６号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６７２号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６４号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６５号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６８号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６７１号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６７号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６７０号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６６号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６３号パンフレット、国際公開第２０１４／０２８４２９号パンフレット、国際公開第２０１４／０８１５０７号パンフレット、国際公開第２０１４／０９３９２４号パンフレット、国際公開第２０１４／０９３５７４号パンフレット、国際公開第２０１４／１１３０８９号パンフレット、国際公開第２０１４／１４４７１１号パンフレット、国際公開第２０１４／１４４７６７号パンフレット、国際公開第２０１４／１４４０３９号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２５４０号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２０３０号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２０３１号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２０２７号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２２１１号パンフレット、国際公開第２０１４／１５８７９５号パンフレット、国際公開第２０１４／１５９８１３号パンフレット、国際公開第２０１４／１６４２５３号パンフレット、国際公開第２０１５／００６７４７号パンフレット、国際公開第２０１５／０３４９２８号パンフレット、国際公開第２０１５／０３４９２５号パンフレット、国際公開第２０１５／０３８８９２号パンフレット、国際公開第２０１５／０４８７４４号パンフレット、国際公開第２０１５／０５１２１４号パンフレット、国際公開第２０１５／０５１１７３号パンフレット、国際公開第２０１５／０５１１６９号パンフレット、国際公開第２０１５／０５８０６９号パンフレット、国際公開第２０１５／０８５３１８号パンフレット、国際公開第２０１５／０８９５１１号パンフレット、国際公開第２０１５／１０５９２６号パンフレット、国際公開第２０１５／１６４６７４号パンフレット、国際公開第２０１５／１９６１３０号パンフレット、国際公開第２０１５／１９６１２８号パンフレット、国際公開第２０１５／１９６１１８号パンフレット、国際公開第２０１６

／０１１２２６号パンフレット、国際公開第２０１６／０１１２２２号パンフレット、国際公開第２０１６／０１１３０６号パンフレット、国際公開第２０１６／０１４８４６号パンフレット、国際公開第２０１６／０２２９１４号パンフレット、国際公開第２０１６／０３６９０２号パンフレット、国際公開第２０１６／０７７１２５号パンフレット、又は国際公開第２０１６／０７７１２３号パンフレット（それらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に提供されるものである。化学修飾ヌクレオチドのポリヌクレオチドへの組み込みが、ヌクレオチド中の修飾の位置に応じて、核酸塩基、バックボーン、又は両方に組み込まれている修飾を生じ得ることが理解される。一部の実施形態では、バックボーン修飾は、欧州特許第２８１３５７０号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に提供されるものである。一部の実施形態では、修飾キャップは、米国特許出願公開第２００５０２８７５３９号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に提供されるものである。

【１００２】

一部の実施形態では、化学修飾核酸（例えば、ＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）は、ＡＲＣＡ：アンチリバースキャップ類似体（ｍ２７．３’－ＯＧＰ３Ｇ）、ＧＰ３Ｇ（非メチル化キャップ類似体）、ｍ７ＧＰ３Ｇ（モノメチル化キャップ類似体）、ｍ３２．２．７ＧＰ３Ｇ（トリメチル化キャップ類似体）、ｍ５ＣＴＰ（５’－メチル－シチジン三リン酸）、ｍ６ＡＴＰ（Ｎ６－メチル－アデノシン－５’－三リン酸）、ｓ２ＵＴＰ（２－チオ－ウリジン三リン酸）、及びΨ（プソイドウリジン三リン酸）の１つ又は複数を含む。

【１００３】

一部の実施形態では、化学修飾核酸は、５’キャップ、例えば：７－メチルグアノシンキャップ（例えば、Ｏ－Ｍｅ－ｍ７Ｇキャップ）；過剰メチル化キャップ類似体；ＮＡＤ＋由来のキャップ類似体（例えば、Ｋｉｌｅｄｊｉａｎ，Ｔｒｅｎｄｓ ｉｎ Ｃｅｌｌ Ｂｉｏｌｏｇｙ ２８，４５４－４６４（２０１８）に記載のもの）；又は修飾、例えば、ビオチン化されたキャップ類似体（例えば、Ｂｅｄｎａｒｅｋ ｅｔ ａｌ．，Ｐｈｉｌ Ｔｒａｎｓ Ｒ Ｓｏｃ Ｂ ３７３，２０１８０１６７（２０１８）に記載のもの）を含む。

【１００４】

一部の実施形態では、化学修飾核酸は、ポリＡテール；不対の５ヌクレオチドによって隣接された１６ヌクレオチド長のステム－ループ構造（例えば、Ｍａｎｎｉｒｏｎｉ ｅｔ ａｌ．，Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄ Ｒｅｓｅａｒｃｈ １７，９１１３－９１２６（１９８９）に記載のもの）；三重らせん構造（例えば、Ｂｒｏｗｎ ｅｔ ａｌ．，ＰＮＡＳ １０９，１９２０２－１９２０７（２０１２）に記載のもの）；ｔＲＮＡ、ＹＲＮＡ若しくはヴォールトＲＮＡ構造（例えば、Ｌａｂｎｏ ｅｔ ａｌ．，Ｂｉｏｃｈｅｍｉｃａ ｅｔ Ｂｉｏｐｈｙｓｉｃａ Ａｃｔａ １８６３，３１２５－３１４７（２０１６）に記載のもの）；１つ又は複数のデオキシリボヌクレオチド三リン酸（ｄＮＴＰｓ）、２’Ｏ－メチル化ＮＴＰ若しくはホスホロチオエート－ＮＴＰの組み込み；単一のヌクレオチド化学修飾（例えば、３’末端リボースの反応性アルデヒドへの酸化とその後のアルデヒド反応性修飾ヌクレオチドのコンジュゲーション）；又は別の核酸分子への化学ライゲーションの１つ又は複数から選択される３’の特徴を含む。

【１００５】

一部の実施形態では、核酸（例えば、鋳型核酸）は、例えば、ジヒドロウリジン、イノシン、７－メチルグアノシン、５－メチルシチジン（５ｍＣ）、５’リン酸リボチミジン、２’－Ｏ－メチルリボチミジン、２’－Ｏ－エチルリボチミジン、２’－フルオロリボチミジン、Ｃ－５プロピニル－デオキシシチジン（ｐｄＣ）、Ｃ－５プロピニル－デオキシウリジン（ｐｄＵ）、Ｃ－５プロピニル－シチジン（ｐＣ）、Ｃ－５プロピニル－ウリジン（ｐＵ）、５－メチルシチジン、５－メチルウリジン、５－メチルデオキシシチジン、５－メチルデオキシウリジンメトキシ、２，６－ジアミノプリン、５’－ジメトキシトリチル－Ｎ４－エチル－２’－デオキシシチジン、Ｃ－５プロピニル－ｆ－シチジン（ｐｆＣ）、Ｃ－５プロピニル－ｆ－ウリジン（ｐｆＵ）、５－メチルｆ－シチジン、５－メチ

ルｆ－ウリジン、Ｃ－５プロピニル－ｍ－シチジン（ｐｍＣ）、Ｃ－５プロピニル－ｆ－ウリジン（ｐｍＵ）、５－メチルｍ－シチジン、５－メチルｍ－ウリジン、ＬＮＡ（ロックド核酸）、ＭＧＢ（副溝結合剤）プソイドウリジン（Ψ）、１－Ｎ－メチルプソイドウリジン（１－Ｍｅ－Ψ）、又は５－メトキシウリジン（５－ＭＯ－Ｕ）から選択される１つ又は複数の修飾ヌクレオチドを含む。

【１００６】

一部の実施形態では、核酸は、バックボーン修飾、例えば、バックボーン中の糖又はリン酸基に対する修飾を含む。一部の実施形態では、核酸は、核酸塩基修飾を含む。

【１００７】

一部の実施形態では、核酸は、表１３の１つ又は複数の化学修飾ヌクレオチド、表１４の１つ又は複数の化学バックボーン修飾、表１５の１つ又は複数の化学修飾キャップを含む。例えば、一部の実施形態では、核酸は、２つ以上（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０又はそれ以上）の異なるタイプの化学修飾を含む。例として、核酸は、例えば、本明細書に記載の、例えば、表１３中の２つ以上（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０又はそれ以上）の異なるタイプの修飾核酸塩基を含み得る。代替的に又は組み合わせて、核酸は、例えば、本明細書に記載の、例えば、表１４中の２つ以上（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０又はそれ以上）の異なるタイプのバックボーン修飾を含み得る。代替的に又は組み合わせて、核酸は、例えば、本明細書に記載の、例えば、表１５中の１つ又は複数の修飾キャップを含み得る。例えば、一部の実施形態では、核酸は、１つ若しくは複数のタイプの修飾核酸塩基及び１つ若しくは複数のタイプのバックボーン修飾；１つ若しくは複数のタイプの修飾核酸塩基及び１つ若しくは複数の修飾キャップ；１つ若しくは複数のタイプの修飾キャップ及び１つ若しくは複数のタイプのバックボーン修飾；又は１つ若しくは複数のタイプの修飾核酸塩基、１つ若しくは複数のタイプのバックボーン修飾、及び１つ若しくは複数のタイプの修飾キャップを含む。

【１００８】

一部の実施形態では、核酸は、１つ又は複数（例えば、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、２０、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、６００、７００、８００、９００、１０００、又はそれ以上）の修飾核酸塩基を含む。一部の実施形態では、核酸の全ての核酸塩基が修飾される。一部の実施形態では、核酸は、バックボーン中の１つ又は複数（例えば、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、２０、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、６００、７００、８００、９００、１０００、又はそれ以上）の位置で修飾される。一部の実施形態では、核酸の全てのバックボーン位置が修飾される。

【１００９】

【表１３－１】

表 13. 修飾ヌクレオチド

| | |
|---|---|
| 5-アザ-ウリジン | N2-メチル-6-チオ-グアノシン |
| 2-チオ-5-アザ-ミジン | N2,N2-ジメチル-6-チオ-グアノシン |
| 2-チオウリジン | ピリジン-4-オンリボヌクレオシド |
| 4-チオ-プソイドウリジン | 2-チオ-5-アザ-ウリジン |
| 2-チオ-プソイドウリジン | 2-チオミジン(thiomidine) |
| 5-ヒドロキシウリジン | 4-チオ-プソイドミジン(pseudomidine) |
| 3-メチルウリジン | 2-チオ-プソイドウィジン(pseudowidine) |
| 5-カルボキシメチル-ウリジン | 3-メチルミジン |
| 1-カルボキシメチル-プソイドウリジン | 1-プロピニル-プソイドミジン |
| 5-プロピニル-ウリジン | 1-メチル-1-デアザ-プソイドミジン |
| 1-プロピニル-プソイドウリジン | 2-チオ-1-メチル-1-デアザ-プソイドウリジン |
| 5-タウリノメチルウリジン | 4-メトキシ-プソイドミジン |
| 1-タウリノメチル-プソイドウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-アデノシン |
| 5-タウリノメチル-2-チオ-ウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-シチジン |
| 1-タウリノメチル-4-チオ-ウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-グアノシン |
| 5-メチル-ウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-ウリジン |
| 1-メチル-プソイドウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-プソイドウリジン |
| 4-チオ-1-メチル-プソイドウリジン | 2'-O-メチル-アデノシン |
| 2-チオ-1-メチル-プソイドウリジン | 2'-O-メチル-シチジン |
| 1-メチル-1-デアザ-プソイドウリジン | 2'-O-メチル-グアノシン |
| 2-チオ-1-メチル-1-デアザ-プソイドミジン | 2'-O-メチル-ウリジン |
| ジヒドロウリジン | 2'-O-メチル-プソイドウリジン |
| ジヒドロプソイドウリジン | 2'-O-メチル-イノシン |
| 2-チオ-ジヒドロミジン | 2-メチルアデノシン |
| 2-チオ-ジヒドロプソイドウリジン | 2-メチルチオ-N6-メチルアデノシン |
| 2-メトキシウリジン | 2-メチルチオ-N6 イソペンテニルアデノシン |
| 2-メトキシ-4-チオ-ウリジン | 2-メチルチオ-N6-(cis-ヒドロキシイソペンテニル)アデノシン |
| 4-メトキシ-プソイドウリジン | N6-メチル-N6-トレオニルカルバモイルアデノシン |
| 4-メトキシ-2-チオ-プソイドウリジン | N6-ヒドロキシノルバリルカルバモイルアデノシン |
| 5-アザ-シチジン | 2-メチルチオ-N6-ヒドロキシノルバリルカルバモイルアデノシン |
| プソイドイソシチジン | |
| 3-メチル-シチジン | |

【１０１０】

【表１３－２】

| | |
|---|---|
| N4-アセチルシチジン | 2'-O-リボシルアデノシン(ホスフェート) |
| 5-ホルミルシチジン | 1,2'-O-ジメチルイノシン |
| N4-メチルシチジン | 5,2'-O-ジメチルシチジン |
| 5-ヒドロキシメチルシチジン | N4-アセチル-2'-O-メチルシチジン |
| 1-メチル-プソイドイソシチジン | ライシジン |
| ピロロ-シチジン | 7-メチルグアノシン |
| ピロロ-プソイドイソシチジン | N2,2'-O-ジメチルグアノシン |
| 2-チオ-シチジン | N2,N2,2'-O-トリメチルグアノシン |
| 2-チオ-5-メチル-シチジン | 2'-O-リボシルグアノシン(ホスフェート) |
| 4-チオ-プソイドイソシチジン | ワイブトシン |
| 4-チオ-1-メチル-プソイドイソシチジン | ペルオキシワイブトシン |
| 4-チオ-1-メチル-1-デアザ-プソイドイソシチジン | ヒドロキシワイブトシン |
| 1-メチル-1-デアザ-プソイドイソシチジン | 未修飾ヒドロキシワイブトシン |
| ゼブラリン | メチルワイオシン |
| 5-アザ-ゼブラリン | キューオシン |
| 5-メチル-ゼブラリン | エポキシキューオシン |
| 5-アザ-2-チオ-ゼブラリン | ガラクトシル-キューオシン |
| 2-チオ-ゼブラリン | マンノシル-キューオシン |
| 2-メトキシ-シチジン | 7-シアノ-7-デアザグアノシン |
| 2-メトキシ-5-メチル-シチジン | 7-アミノメチル-7-デアザグアノシン |
| 4-メトキシ-プソイドイソシチジン | アーキオシン |
| 4-メトキシ-1-メチル-プソイドイソシチジン | 5,2'-O-ジメチルウリジン |
| 2-アミノプリン | 4-チオウリジン |
| 2,6-ジアミノプリン | 5-メチル-2-チオウリジン |
| 7-デアザ-アデニン | 2-チオ-2'-O-メチルウリジン |
| 7-デアザ-8-アザ-アデニン | 3-(3-アミノ-3-カルボキシプロピル)ウリジン |
| 7-デアザ-2-アミノプリン | 5-メトキシウリジン |
| 7-デアザ-8-アザ-2-アミノプリン | ウリジン 5-オキシ酢酸 |
| 7-デアザ-2,6-ジアミノプリン | ウリジン 5-オキシ酢酸メチルエステル |
| 7-デアザ-8-アザ-2,6-ジアミノプリン | 5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジン) |
| 1-メチルアデノシン | 5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジンメチルエステル |
| N6-イソペンテニルアデノシン | |
| N6-(cis-ヒドロキシイソペンテニル)アデノシン | 5-メトキシカルボニルメチルウリジン |
| 2-メチルチオ-N6-(cis-ヒドロキシイソペンテニル) アデノシン | 5-メトキシカルボニルメチル-2'-O-メチルウリジン |
| | 5-メトキシカルボニルメチル-2-チオウリジン |
| N6-グリシニルカルバモイルアデノシン | 5-アミノメチル-2-チオウリジン |

【１０１１】

【表１３－３】

| | |
|---|---|
| N6-トレオニルカルバモイルアデノシン | 5-メチルアミノメチルウリジン |
| 2-メチルチオ-N6-トレオニルカルバモイルアデノシン | 5-メチルアミノメチル-2-チオウリジン |
| | 5-メチルアミノメチル-2-セレノウリジン |
| N6,N6-ジメチルアデノシン | 5-カルバモイルメチルウリジン |
| 7-メチルアデニン | 5-カルバモイルメチル-2'-O-メチルウリジン |
| 2-メチルチオ-アデニン | 5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン |
| 2-メトキシ-アデニン | 5-カルボキシメチルアミノメチル-2'-O-メチルウリジン |
| イノシン | 5-カルボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン |
| 1-メチル-イノシン | N4,2'-O-ジメチルシチジン |
| ワイオシン | 5-カルボキシメチルウリジン |
| ワイブトシン | N6,2'-O-ジメチルアデノシン |
| 7-デアザ-グアノシン | N,N6,O-2'-トリメチルアデノシン |
| 7-デアザ-8-アザ-グアノシン | N2,7-ジメチルグアノシン |
| 6-チオ-グアノシン | N2,N2,7-トリメチルグアノシン |
| 6-チオ-7-デアザ-グアノシン | 3,2'-O-ジメチルウリジン |
| 6-チオ-7-デアザ-8-アザ-グアノシン | 5-メチルジヒドロウリジン |
| 7-メチル-グアノシン | 5-ホルミル-2'-O-メチルシチジン |
| 6-チオ-7-メチル-グアノシン | 1,2'-O-ジメチルグアノシン |
| 7-メチルイノシン | 4-デメチルワイオシン |
| 6-メトキシ-グアノシン | イソワイオシン |
| 1-メチルグアノシン | N6-アセチルアデノシン |
| N2-メチルグアノシン | |
| N2,N2-ジメチルグアノシン | |
| 8-オキソ-グアノシン | |
| 7-メチル-8-オキソ-グアノシン | |
| 1-メチル-6-チオ-グアノシン | |

【１０１２】

【表１４】

**表 14. 骨格修飾**

| |
|---|
| 2’-O-メチル骨格 |
| ペプチド核酸 (PNA)骨格 |
| ホスホロチオエート骨格 |
| モルホリノ骨格 |
| カルバメート骨格 |
| シロキサン骨格 |
| スルフィド骨格 |
| スルホキシド骨格 |
| スルホン骨格 |
| ホルムアセチル骨格 |
| チオホルムアセチル骨格 |
| メチレンホルムアセチル骨格 |
| リボアセチル骨格 |
| アルケン含有骨格 |
| スルファメート骨格 |
| スルホン酸骨格 |
| スルホンアミド骨格 |
| メチレンイミノ骨格 |
| メチレンヒドラジノ骨格 |
| アミド骨格 |

【１０１３】

【表１５】
表 15. 修飾キャップ

| |
|---|
| m7GpppA |
| m7GpppC |
| m2,7GpppG |
| m2,2,7GpppG |
| m7Gpppm7G |
| m7,2'OmeGpppG |
| m72'dGpppG |
| m7,3'OmeGpppG |
| m7,3'dGpppG |
| GppppG |
| m7GppppG |
| m7GppppA |
| m7GppppC |
| m2,7GppppG |
| m2,2,7GppppG |
| m7Gppppm7G |
| m7,2'OmeGppppG |
| m72'dGppppG |
| m7,3'OmeGppppG |
| m7,3'dGppppG |

【１０１４】
遺伝子組換えシステムの鋳型を含むヌクレオチドは、天然又は修飾塩基、又はそれらの組合せであり得る。例えば、鋳型は、プソイドウリジン、ジヒドロウリジン、イノシン、７－メチルグアノシン、又は他の修飾塩基を含み得る。一部の実施形態では、鋳型は、ロックド核酸ヌクレオチドを含み得る。一部の実施形態では、鋳型中で使用される修飾塩基は、鋳型の逆転写を阻害しない。一部の実施形態では、鋳型中で使用される修飾塩基は、逆転写、例えば、特異性又は忠実度を改善し得る。
【１０１５】
一部の実施形態では、システムのＲＮＡ成分（例えば、鋳型ＲＮＡ又はｇＲＮＡ）は、１つ又は複数のヌクレオチド修飾を含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡの修飾パターンは、（例えば、Ｆｉｎｎ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ Ｒｅｐ ２２（９）：２２２７－２２３５（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）からの図１Ｄに示される）非修飾又は末端修飾ガイドと比較して、インビボ活性に有意に影響し得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、このプロセスは、少なくとも部分的には、修飾によって付与されるＲＮＡの安定化に起因し得る。こうした修飾の非限定的な例は、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－０－（２－メトキシエチル）（２’－０－ＭＯＥ）、２’－フルオロ（２’－Ｆ）、ヌクレオチド間のホスホロチオエート（ＰＳ）結合、Ｇ－Ｃ置換並びにヌクレオチド間の逆位脱塩基結合及びそれらの均等物を含み得る。
【１０１６】
一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ（例えば、標的部位に結合するその１部分）又はガイドＲＮＡは、５’末端領域を含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ又はガイドＲＮＡは、５’末端領域を含まない。一部の実施形態では、５’末端領域は、例えば、Ｂｒｉｎｅｒ ＡＥ ｅｔ ａｌ，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｃｅｌｌ ５６：３３３－３３９（２０１４）

（全体が参照により本明細書に組み込まれる；例えば、全てのガイドＲＮＡに、本明細書で適用可能）中のｓｇＲＮＡに関する記載のように、ｇＲＮＡスペーサー領域を含む。一部の実施形態では、５’末端領域は、５’末端修飾を含む。一部の実施形態では、５’末端領域は、スペーサー領域と共に又はスペーサー領域なしで、ｃｒＲＮＡ、ｔｒＲＮＡ、ｓｇＲＮＡ及び／又はｄｇＲＮＡと会合され得る。ｇＲＮＡスペーサー領域は、いくつかの事例では、ガイド領域、ガイドドメイン、又は標的ドメインを含み得る。

【１０１７】

一部の実施形態では、本明細書に記載される鋳型ＲＮＡ（例えば、標的部位に結合するその１部分）又はガイドＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の表４に示される配列のいずれかを含む。一部の実施形態では、配列が、ガイド及び／又はスペーサー領域を示す場合、組成物は、この領域を含んでも又は含まなくてもよい。一部の実施形態では、ガイドＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４に示される、例えば、その中で配列番号によって同定されたような配列のいずれかの修飾の１つ又は複数を含む。複数の実施形態では、ヌクレオチドは、同じであるか又は異なり得、且つ／又は示される修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４に示されるようなガイド配列の修飾パターンに対して同一又は類似であり得る。一部の実施形態では、修飾パターンは、ｇＲＮＡの修飾の相対的位置及び同一性又はｇＲＮＡの領域（例えば５’末端領域、より下流のステム領域、バルジ領域、より上流のステム領域、ネクサス領域、ヘアピン１領域、ヘアピン２領域、３’末端領域）を含む。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列カラムに示される配列のいずれか１つの、及び／又はその配列の１つ若しくは複数の領域にわたる修飾の少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％を含む。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列カラムに示される配列のいずれか１つの修飾パターンと、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４に示される配列の１つ又は複数の領域にわたり、例えば、５’末端領域、より下流のステム領域、バルジ領域、より上流のステム領域、ネクサス領域、ヘアピン１領域、ヘアピン２領域、及び／又は３’末端領域において、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、５’末端領域にわたる配列の修飾パターンに対して、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、より下流のステムにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、バルジにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、より上流のステムにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、ネクサスにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、ヘアピン１にわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、ヘアピン２にわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若し

くは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、３’末端にわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列、又はこうした配列の領域（例えば５’末端、より下流のステム、バルジ、より上流のステム、ネクサス、ヘアピン１、ヘアピン２、３’末端）の修飾パターンと、例えば、０、１、２、３、４、５、６、又はそれ以上のヌクレオチドで異なる。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列の修飾と、例えば、０、１、２、３、４、５、６、又はそれ以上のヌクレオチドで異なる修飾を含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列の領域（例えば５’末端、より下流のステム、バルジ、より上流のステム、ネクサス、ヘアピン１、ヘアピン２、３’末端）の修飾と、例えば、０、１、２、３、４、５、６、又はそれ以上のヌクレオチドで異なる修飾を含む。

【１０１８】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ（例えば、標的部位に結合するその１部分）又はｇＲＮＡは、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ｍｏｅ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、ヌクレオチド間のホスホロチオエート（ＰＳ）結合を含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、５’末端修飾、３’末端修飾、又は５’及び３’末端修飾を含む。一部の実施形態では、５’末端修飾は、ヌクレオチド間のホスホロチオエート（ＰＳ）結合を含む。一部の実施形態では、５’末端修飾は、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ＭＯＥ）、及び／又は２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、５’末端修飾は、少なくとも１つのホスホロチオエート（ＰＳ）結合及び２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ＭＯＥ）、及び／又は２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾ヌクレオチドの１つ又は複数を含む。末端修飾は、ホスホロチオエート（ＰＳ）、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ＭＯＥ）、及び／又は２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾を含み得る。等価な末端修飾も、本明細書に記載される実施形態によって包含される。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ又はｇＲＮＡは、鋳型ＲＮＡ又はｇＲＮＡの１つ又は複数の領域の修飾と組み合わせた末端修飾を含む。ＲＮＡ、例えば、ｇＲＮＡ、及びその組成式を保護するための更なる例示的な修飾及び方法は、国際公開第２０１８１２６１７６Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１０１９】

一部の実施形態では、構造－ガイド及び系統学的手法を用いて、例えば、Ｍｉｒ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔ　Ｃｏｍｍｕｎ　９：２６４１（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、鋳型ＲＮＡ又はガイドＲＮＡに修飾（例えば、２’－ＯＭｅ－ＲＮＡ、２’－Ｆ－ＲＮＡ、及びＰＳ修飾）を導入する。一部の実施形態では、２’－Ｆ－ＲＮＡの組み込みは、例えば、Ｃ３’－エンド糖パッカリングに最小限に干渉しながら、ＲＮＡ：ＲＮＡ又はＲＮＡ：ＤＮＡ二本鎖の熱安定性及びヌクレアーゼ安定性を増加させる。一部の実施形態では、２’－Ｆは、２’－ＯＨがＲＮＡ：ＤＮＡ二本鎖安定性に重要である場合の位置で２’－ＯＭｅより優れた耐容性を示し得る。一部の実施形態では、ｃｒＲＮＡは、Ｃａｓ９活性を低下させない１つ又は複数の修飾、例えば、Ｍｉｒ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔ　Ｃｏｍｍｕｎ　９：２６４１（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の補足表１に記載の、例えば、Ｃ１０、Ｃ２０、又はＣ２１（完全に修飾）を含む。一部の実施形態では、ｔｒａｃｒＲＮＡは、Ｃａｓ９活性を低下させない１つ又は複数の修飾、例えば、Ｍｉｒ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔ　Ｃｏｍｍｕｎ　９：２６４１（２０１８）の補足表１のＴ２、Ｔ６、Ｔ７、又はＴ８（完全に修飾）を含む。一部の実施形態では、（例えば、本明細書に記載されるような）１つ又は複数の修飾を含

むｃｒＲＮＡは、１つ又は複数の修飾、例えば、Ｃ２０及びＴ２を含むｔｒａｃｒＲＮＡと対合され得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、例えば、ｃｒＲＮＡ及びｔｒａｃｒＲＮＡのキメラを含む（例えば、Ｊｉｎｅｋ ｅｔ ａｌ．Ｓｃｉｅｎｃｅ ３３７（６０９６）：８１６－８２１（２０１２））。複数の実施形態では、ｃｒＲＮＡ及びｔｒａｃｒＲＮＡの修飾は、例えば、安定性が増強された修飾ｇＲＮＡを作製するため、単一ガイドキメラ上にマッピングされる。

【１０２０】

一部の実施形態では、ｇＲＮＡ分子は、天然に存在する構成成分、例えば、ヘアピンの付加又はサブトラクションによって修飾され得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、例えば、国際公開第２０１８１０６７２７号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、１つ又は複数の３’ヘアピン要素が欠失されたｇＲＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、付加されたヘアピン構造、例えば、Ｋｏｃａｋ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ ３７（６）：６５７－６６６（２０１９）の教示内容中でＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓシステムの特異性を増加させることが示された、スペーサー領域内に付加されたヘアピン構造を含有し得る。短縮されたｇＲＮＡ及びインビボ活性を改善する特定の修飾の例を含む更なる修飾は、米国特許出願公開第２０１９０３１６１２１号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に見出すことができる。

【１０２１】

一部の実施形態では、構造－ガイド及び系統学的手法（例えば、Ｍｉｒ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｃｏｍｍｕｎ ９：２６４１（２０１８）に記載のとおり；全体が参照により本明細書に組み込まれる）を用いて、鋳型ＲＮＡに対する修飾を見出す。複数の実施形態では、その修飾は、鋳型ＲＮＡのガイド領域の包含又は除外によって同定される。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡに結合されたポリペプチドの構造を用いて、ＲＮＡの非タンパク質と接触したヌクレオチドを判定し、次に、例えば、ＲＮＡとポリペプチドとの会合を破壊するリスクがより低い修飾について選択することができる。更に、鋳型ＲＮＡ中の二次構造は、ソフトウェアツール、例えば、ｒｎａ．ｕｒｍｃ．ｒｏｃｈｅｓｔｅｒ．ｅｄｕ／ＲＮＡｓｔｒｕｃｔｕｒｅＷｅｂで利用可能なＲＮＡ構造ツールによってインシリコで予測し（Ｂｅｌｌａｏｕｓｏｖ ｅｔ ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４１：Ｗ４７１－Ｗ４７４（２０１３）；その全体が参照により本明細書に組み込まれる）、例えば、修飾、例えば、ヘアピン、ステム、及び／又はバルジを選択するための二次構造を決定することが可能である。

【１０２２】

組成物及びシステムの作製

当業者に理解されるように、核酸構築物及びタンパク質又はポリペプチド（本明細書に記載されるシステム、構築物及びポリペプチドなど）を設計及び構築する方法は、当技術分野において常用的である。一般に、組換え法が使用され得る。概略については、Ｓｍａｌｅｓ ＆ Ｊａｍｅｓ（Ｅｄｓ．）、Ｔｈｅｒａｐｅｕｔｉｃ Ｐｒｏｔｅｉｎｓ：Ｍｅｔｈｏｄｓ ａｎｄ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ（Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ），Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２００５）；及びＣｒｏｍｍｅｌｉｎ，Ｓｉｎｄｅｌａｒ ＆ Ｍｅｉｂｏｈｍ（Ｅｄｓ．），Ｐｈａｒｍａｃｅｕｔｉｃａｌ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｆｕｎｄａｍｅｎｔａｌｓ ａｎｄ Ａｐｐｌｉｃａｔｉｏｎｓ，Ｓｐｒｉｎｇｅｒ（２０１３）を参照されたい。核酸組成物を設計、調製、評価、精製及び操作する方法は、Ｇｒｅｅｎ ａｎｄ Ｓａｍｂｒｏｏｋ（Ｅｄｓ．），Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｃｌｏｎｉｎｇ：Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ（Ｆｏｕｒｔｈ Ｅｄｉｔｉｏｎ），Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｐｒｅｓｓ（２０１２）に記載されている。

【１０２３】

本開示は、部分的に、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチド、本明細書に記載される鋳型核酸又は両方をコードする核酸、例えば、ベクターを提供する。一部の実施

形態では、ベクターは、選択マーカ、例えば、抗生物質耐性マーカを含む。一部の実施形態では、抗生物質耐性マーカは、カナマイシン耐性マーカである。一部の実施形態では、抗生物質耐性マーカは、βラクタム抗生物質に耐性を付与しない。一部の実施形態では、ベクターは、アンピシリン耐性マーカを含まない。一部の実施形態では、ベクターは、カナマイシン耐性マーカを含み、アンピシリン耐性マーカを含まない。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするベクターは、標的細胞ゲノムに組み込まれる（例えば、標的細胞、組織、器官、又は対象への投与時に）。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするベクターは、標的細胞ゲノムに組み込まれない（例えば、標的細胞、組織、器官、又は対象への投与時に）。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）をコードするベクターは、標的細胞ゲノムに組み込まれない（例えば、標的細胞、組織、器官、又は対象への投与時に）。一部の実施形態では、ベクターが、標的細胞ゲノム中の標的部位に組み込まれる場合、選択マーカは、ゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、ベクターが、標的細胞ゲノム中の標的部位に組み込まれる場合、ベクターの維持に関与する遺伝子又は配列（例えば、プラスミド維持遺伝子）は、ゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、ベクターが、標的細胞ゲノム中の標的部位に組み込まれる場合、移入調節配列（例えば、ＡＡＶ由来の、例えば、逆位末端配列）は、ゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、ベクター（例えば、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチド、本明細書に記載される鋳型核酸又はその両方をコードする）を標的細胞、組織、器官、又は対象へ投与することにより、前記標的細胞、組織、器官、又は対象のゲノム中の１つ若しくは複数の標的部位へのベクターの１部分の組み込みが起こる。一部の実施形態では、組み込まれた物質を含む標的部位の９９、９５、９０、８０、７０、６０、５０、４０、３０、２０、１０、５、４、３、２若しくは１％未満（例えば、標的部位なし）は、ベクター由来の、選択マーカ（例えば、抗生物質耐性遺伝子）、移入調節配列（例えば、ＡＡＶ由来の、例えば、逆位末端配列）、又は両方を含む。

【１０２４】

本明細書に記載される医薬用タンパク質又はポリペプチドを生産する例示的な方法は、哺乳動物細胞での発現を含むが、適切なプロモータの制御下の昆虫細胞、酵母、細菌、又は他の細胞を用いて、組換えタンパク質を生産することもできる。哺乳動物発現ベクターは、非転写因子、例えば、複製起点、好適なプロモータ、並びに他の５’若しくは３’フランキング非転写配列、並びに５’若しくは３’非翻訳配列、例えば必要なリボソーム結合部位、ポリアデニル化部位、スプライスドナー及びアクセプター部位並びに終結配列を含み得る。ＳＶ４０ウイルスゲノム由来のＤＮＡ配列、例えばＳＶ４０オリジン、アーリープロモータ、スプライス、及びポリアデニル化部位を使用して、異種ＤＮＡ配列の発現に必要な他の遺伝因子を提供することができる。細菌、真菌、酵母、及び哺乳動物細胞宿主での使用に適切なクローニング及び発現ベクターは、Ｇｒｅｅｎ ＆ Ｓａｍｂｒｏｏｋ，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｃｌｏｎｉｎｇ：Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ（Ｆｏｕｒｔｈ Ｅｄｉｔｉｏｎ），Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｐｒｅｓｓ（２０１２）に記載されている。

【１０２５】

様々な哺乳動物細胞培養システムを使用して、組換えタンパク質を発現させ、製造することができる。哺乳動物発現システムの例として、ＣＨＯ、ＣＯＳ、ＨＥＫ２９３、ＨｅＬＡ、及びＢＨＫ細胞株が挙げられる。タンパク質治療薬生産のための宿主細胞培養方法は、Ｚｈｏｕ ａｎｄ Ｋａｎｔａｒｄｊｉｅｆｆ（Ｅｄｓ．），Ｍａｍｍａｌｉａｎ Ｃｅｌｌ Ｃｕｌｔｕｒｅｓ ｆｏｒ Ｂｉｏｌｏｇｉｃｓ Ｍａｎｕｆａｃｔｕｒｉｎｇ（Ａｄｖａｎｃｅｓ ｉｎ Ｂｉｏｃｈｅｍｉｃａｌ Ｅｎｇｉｎｅｅｒｉｎｇ／Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ），Ｓｐｒｉｎｇｅｒ（２０１４）に記載されている。本明細書に記載される組成物は、組換えタンパク質をコードするベクター、例えば、ウイルスベクター、例えば、レンチウイルスベクターを含み得る。一部の実施形態では、ベクター、例えば、ウイルスベクターは、組換えタンパク質をコードする核酸を含み得る。

【１０２６】

タンパク質治療薬の精製は、Ｆｒａｎｋｓ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｉｓｏｌａｔｉｏｎ，Ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚａｔｉｏｎ，ａｎｄ Ｓｔａｂｉｌｉｚａｔｉｏｎ，Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１３）；及びＣｕｔｌｅｒ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｐｕｒｉｆｉｃａｔｉｏｎ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ（Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ），Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１０）に記載されている。

【１０２７】

本開示は、遺伝子組換えポリペプチド及び／又はゲノム標的部位に対する特異性を有する鋳型核酸分子（例えば、鋳型ＲＮＡ）の作製のための組成物及び方法も提供する。一態様では、本方法は、上流の相同性セグメント、異種目的配列セグメント、遺伝子組換えポリペプチド結合モチーフ、及びｇＲＮＡセグメントを含むＲＮＡセグメントの作製を含む。

【１０２８】

治療用途

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを用いて、細胞（例えば、動物細胞、植物細胞、又は真菌細胞）を修飾することができる。一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを用いて、哺乳動物細胞（例えば、ヒト細胞）を修飾することができる。一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを用いて、家畜動物（例えば、ウシ、ウマ、ヒツジ、ヤギ、ブタ、ラマ、アルパカ、ラクダ、ヤク、ニワトリ、アヒル、ガチョウ、又はダチョウ）由来の細胞を修飾することができる。一部の実施形態では、例えば、動物細胞、例えば、哺乳動物細胞（例えば、ヒト細胞）、植物細胞、又は真菌細胞を修飾するために、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを、実験ツール若しくは研究ツールとして使用するか、又は実験方法若しくは研究方法に使用することができる。

【１０２９】

コーディング遺伝子をＲＮＡ配列鋳型に組み込むことにより、例えば、機能喪失型変異を有する個体において治療導入遺伝子の発現を提供することにより、機能獲得型変異を正常な導入遺伝子で置換することにより、機能獲得型変異発現を排除するために調節配列を提供することにより、及び／又は作動可能に連結された遺伝子、導入遺伝子及びそのシステムの発現を制御することにより、遺伝子組換えシステムは、治療ニーズに対処することができる。特定の実施形態では、ＲＮＡ配列鋳型は、宿主細胞の治療ニーズに特異的なプロモータ領域、例えば組織特異的プロモータ又はエンハンサーをコードする。更に他の実施形態では、プロモータは、コーディング配列と作動可能に連結させることができる。

【１０３０】

一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、標的遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、プロモータ又はエンハンサー内の配列、例えば転写因子に結合する配列を改変し、付加し、又は欠失させることにより、標的遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、標的遺伝子の翻訳を改変し（例えば、アミノ酸配列を改変し）、開始若しくは停止コドンを挿入するか若しくは欠失させ、遺伝子の翻訳フレームを改変若しくは修復する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、例えば、スプライスアクセプター又はドナー部位を挿入し、欠失させ、又は改変することにより、標的遺伝子のスプライシングを改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、転写物又はタンパク質の半減期を改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、標的遺伝子、例えば、標的遺伝子によってコードされるタンパク質の活性を改変し、増加させ、減少させる。

【１０３１】

代償性編集（ｃｏｍｐｅｎｓａｔｏｒｙ ｅｄｉｔ）

一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法を用いて、代償性編集を

導入することができる。一部の実施形態では、代償性編集は、疾患を引き起こす突然変異の位置と異なる、疾患又は障害に関連する遺伝子の位置に存在する。一部の実施形態では、代償性突然変異は、原因突然変異を含む遺伝子中に存在しない。一部の実施形態では、代償性編集は、疾患を引き起こす突然変異を無効にするか又は代償し得る。一部の実施形態では、代償性編集は、本明細書に提供されるシステム又は方法によって導入され、疾患を引き起こす突然変異の変異体の効果を抑制し、又は元に戻すことができる。

【１０３２】

調節編集

一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法を用いて、調節編集を導入することができる。一部の実施形態では、調節編集は、遺伝子の調節配列、例えば、遺伝子プロモータ、遺伝子エンハンサー、遺伝子リプレッサ、又は遺伝子スプライシングを制御する配列に導入される。一部の実施形態では、調節編集は、標的遺伝子の発現レベルを増加又は減少させる。一部の実施形態では、標的遺伝子は、疾患を引き起こす突然変異を含む遺伝子と同じである。一部の実施形態では、標的遺伝子は、疾患を引き起こす突然変異を含む遺伝子と異なる。

【１０３３】

リピート伸長病

一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法を用いて、リピート伸長病を処置することができる。一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法、例えば、遺伝子組換えポリペプチドを含むものを用いて、カスタマイズされたＲＮＡ鋳型に従う遺伝子座でリピートの数をリセットすることにより、リピート伸長病を処置することができる。

【１０３４】

投与及び送達

本明細書に記載される組成物及びシステムは、インビトロ又はインビボで使用され得る。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、例えば、インビトロ又はインビボで細胞（例えば、哺乳動物細胞、例えば、ヒト細胞）に送達される。一部の実施形態では、細胞は、真核細胞、例えば、多細胞生物、例えば、動物、例えば、哺乳動物（例えば、ヒト、ブタ、ウシ）、鳥類（例えば、家禽類、例えば、ニワトリ、シチメンチョウ、又はアヒル）、又は魚類の細胞である。一部の実施形態では、細胞は、非ヒト動物細胞（例えば、実験動物、家畜動物、又はコンパニオンアニマル）である。一部の実施形態では、細胞は、幹細胞（例えば、造血幹細胞）、線維芽細胞、又はＴ細胞である。一部の実施形態では、細胞は、免疫細胞、例えば、Ｔ細胞（例えば、Ｔｒｅｇ、ＣＤ４、ＣＤ８、γδ、又はメモリーＴ細胞）、Ｂ細胞（例えば、メモリーＢ細胞又は形質細胞）、又はＮＫ細胞である。一部の実施形態では、細胞は、非分裂細胞、例えば、非分裂線維芽細胞又は非分裂Ｔ細胞である。一部の実施形態では、細胞は、ＨＳＣであり、ｐ５３は上方制御されないか、又は例えば、ＰＣＴ／ＵＳ２０１９／０４８６０７号明細書の実施例３０に記載の方法に従って決定されるように、１０％、５％、２％、又は１％未満上方制御される。当業者は、遺伝子組換えシステムの成分が、ポリペプチド、核酸（例えば、ＤＮＡ、ＲＮＡ）、及びそれらの組合せの形態で送達され得ることが理解されるであろう。

【１０３５】

一実施形態では、システム及び／又はシステムの成分は、核酸として送達される。例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、ポリペプチドをコードするＤＮＡ又はＲＮＡの形態で送達され得、鋳型ＲＮＡは、ＲＮＡ又はＲＮＡに転写されるその相補的ＤＮＡの形態で送達され得る。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、１、２、３、４、又はそれ以上の個別の核酸分子上で送達される。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ＤＮＡ及びＲＮＡの組合せとして送達される。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ＤＮＡ及びタンパク質の組合せとして送達される。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ＲＮＡ及びタンパク質の組合せとして送達される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、タンパク質として送達される

。
【１０３６】
一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ベクターを用いて、細胞、例えば哺乳動物細胞又はヒト細胞に送達される。ベクターは、例えば、プラスミド又はウイルスであり得る。一部の実施形態では、送達は、インビボ、インビトロ、エクスビボ、又はインサイチュである。一部の実施形態では、ウイルスは、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）、レンチウイルス、又はアデノウイルスである。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ウイルス様粒子又はビロソームを用いて細胞に送達される。一部の実施形態では、送達は、２つ以上のウイルス、ウイルス様粒子又はビロソームを使用する。
【１０３７】
一実施形態では、本明細書に記載される組成物及びシステムは、リポソーム又は他の類似の小胞中に製剤化することができる。リポソームは、内部水性コンパートメントを取り囲む単層又は多重層脂質二重膜と、及び比較的不透過性の外側親油性リン脂質二重膜から構成される球状の小胞構造である。リポソームは、アニオン性、中性又はカチオン性であり得る。リポソームは、生体適合性、非毒性であり、親水性及び親油性薬物分子の両方を送達し、それらのカーゴをプラズマ酵素による分解から保護すると共に、それらのロードを生体膜及び血液脳関門（ＢＢＢ）を介して輸送することができる（例えば、論評については、Ｓｐｕｃｈ ａｎｄ Ｎａｖａｒｒｏ，Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｄｒｕｇ Ｄｅｌｉｖｅｒｙ，ｖｏｌ．２０１１，Ａｒｔｉｃｌｅ ＩＤ ４６９６７９，１２ ｐａｇｅｓ，２０１１．ｄｏｉ：１０．１１５５／２０１１／４６９６７９を参照）。
【１０３８】
小胞は、いくつかの異なるタイプの脂質から製造することができるが；薬物担体としてリポソームを作製するためにはリン脂質が最も一般的に使用される。多重層小胞脂質の調製方法は、当技術分野で公知である（例えば、米国特許第６，６９３，０８６号明細書を参照、多重層小胞脂質の調製に関するその教示内容は、参照により本明細書に組み込まれる）。脂質膜を水溶液と混合すれば、小胞形成は自然に起こり得るが、ホモジナイザー、超音波発生装置、又は押出機を用いて振盪の形態で力を加えることにより、それを促進することもできる（例えば、論評については、Ｓｐｕｃｈ ａｎｄ Ｎａｖａｒｒｏ，Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｄｒｕｇ Ｄｅｌｉｖｅｒｙ，ｖｏｌ．２０１１，Ａｒｔｉｃｌｅ ＩＤ ４６９６７９，１２ ｐａｇｅｓ，２０１１．ｄｏｉ：１０．１１５５／２０１１／４６９６７９を参照）。押出脂質は、Ｔｅｍｐｌｅｔｏｎ ｅｔ ａｌ．，Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈ，１５：６４７－６５２，１９９７（押出脂質調製に関するその教示内容は、参照により本明細書に組み込まれる）に記載されているように、サイズ漸減フィルターを介した押出により調製することができる。
【１０３９】
リポソーム、脂質ナノ粒子、カチオン性脂質ナノ粒子、イオン化可能な脂質ナノ粒子、ポリマーナノ粒子、金ナノ粒子、デンドリマー、シクロデキストリンナノ粒子、ミセル、又は前述の組み合わせなどの、様々なナノ粒子を送達に使用できる。
【１０４０】
脂質ナノ粒子は、本明細書に記載される医薬組成物のための生体適合性及び生分解性送達系を提供する担体の一例である。ナノ構造脂質担体（ＮＬＣ）は、ＳＬＮの特徴を保持し、薬物安定性及び負荷容量を向上させると共に、薬物漏出を防ぐ、修飾固体脂質ナノ粒子（ＳＬＮ）である。ポリマーナノ粒子（ＰＮＰ）は、薬物送達の重要な成分である。これらのナノ粒子は、特定の標的に対して薬物送達を効果的に指向し、薬物安定性及び薬物放出制御を改善することができる。脂質－ポリマーナノ粒子（ＰＬＮ）、すなわちリポソーム及びポリマーを組み合わせたタイプの担体も使用し得る。これらのナノ粒子は、ＰＮＰ及びリポソームの相補的利点を有する。ＰＬＮは、コア－シェル構造から構成され；ポリマーコアは、安定した構造を提供し、リン脂質シェルは良好な生体適合性を賦与する。このように、２つの成分は、薬物封入効率を高め、表面修飾を促進すると共に、水溶性薬物の漏出を防ぐ。例えば、論評については、Ｌｉ ｅｔ ａｌ．２０１７，Ｎａｎｏｍａ

ｔｅｒｉａｌｓ ７，１２２；ｄｏｉ：１０．３３９０／ｎａｎｏ７０６０１２２を参照されたい。

【１０４１】

本明細書に記載される組成物及びシステム用の薬物送達ビヒクルとしてエクソソームを使用することもできる。論評については、Ｈａ ｅｔ ａｌ．Ｊｕｌｙ ２０１６．Ａｃｔａ Ｐｈａｒｍａｃｅｕｔｉｃａ Ｓｉｎｉｃａ Ｂ．Ｖｏｌｕｍｅ ６，Ｉｓｓｕｅ ４，Ｐａｇｅｓ ２８７－２９６；ｈｔｔｐｓ：／／ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０１６／ｊ．ａｐｓｂ．２０１６．０２．００１を参照されたい。

【１０４２】

フソソームは、標的細胞と相互作用して、それと融合することから、様々な分子の送達ビヒクルとして用いることができる。フソソームは、一般に、管腔又は空洞を封入する両親媒性脂質の二重層及び両親媒性脂質二重層と相互作用するフソゲンからなる。フソゲン成分は、融合及びペイロード送達のための標的細胞特異性を付与し、プログラム可能な細胞特異性を備える送達ビヒクルの作製を可能にするために操作可能であることが示されている（例えば国際公開第２０２００１４２０９号パンフレットを参照されたい。フソソーム設計、調製、及び使用に関するその教示は、参照により本明細書に組み込まれる）。

【１０４３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのタンパク質成分は、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）と事前に結合され得る。例えば、一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドを初めに鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）と組み合わせて、リボヌクレオタンパク質（ＲＮＰ）複合体を形成し得る。一部の実施形態では、ＲＮＰは、例えば、トランスフェクション、ヌクレオフェクション、ウイルス、小胞、ＬＮＰ、エクソソーム、フソソームを介して、細胞に送達され得る。

【１０４４】

遺伝子組換えシステムは、細胞、組織及び多細胞生物に導入され得る。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、機械的手段又は物理的手段を用いて、細胞に送達される。

【１０４５】

タンパク質治療薬の製剤化は、Ｍｅｙｅｒ（Ｅｄ．），Ｔｈｅｒａｐｅｕｔｉｃ Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｄｒｕｇ Ｐｒｏｄｕｃｔｓ：Ｐｒａｃｔｉｃａｌ Ａｐｐｒｏａｃｈｅｓ ｔｏ ｆｏｒｍｕｌａｔｉｏｎ ｉｎ ｔｈｅ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ，Ｍａｎｕｆａｃｔｕｒｉｎｇ，ａｎｄ ｔｈｅ Ｃｌｉｎｉｃ，Ｗｏｏｄｈｅａｄ Ｐｕｂｌｉｓｈｉｎｇ Ｓｅｒｉｅｓ（２０１２）に記載されている。

【１０４６】

組織特異的活性／投与

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムは、オフターゲット細胞又は組織において活性を制限するために、１つ又は複数の特徴（例えば、プロモータ又はｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位）を利用することができる。

【１０４７】

一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ）は、プロモータ配列、例えば、組織特異的プロモータ配列を含む。一部の実施形態では、組織特異的プロモータを用いて、遺伝子組換えシステムの標的細胞特異性を増加させる。例えば、プロモータは、標的細胞型において活性があるが、非標的細胞型において活性がない（又はより低いレベルで活性がある）ことに基づいて選択され得る。従って、プロモータが非標的細胞のゲノムに組み込まれても、それは、組み込まれた遺伝子の発現を駆動することはない（又は低レベルの発現を駆動するに過ぎない）。更に、鋳型ＲＮＡ中に組織特異的プロモータ配列を有するシステムは、例えば、本明細書に記載のように、例えば、鋳型ＲＮＡ又は遺伝子組換えタンパク質をコードする核酸において、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位と組み合わせて使用され得る。鋳型ＲＮＡ中に組織特異的プロモータ配列を有するシステムは、例えば、標的細胞内で、非標的細胞内よりも高いレ

ベルの遺伝子組換えタンパク質を得るため、組織特異的プロモータによって駆動される、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＤＮＡと組み合わせても使用され得る。一部の実施形態では、例えば、肝臓の適応症の場合、組織特異的プロモータは、参照により本明細書に組み込まれる国際公開第２０２００１４２０９号パンフレットの表３から選択される。

【１０４８】

一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ）は、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を含む。一部の実施形態では、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を用いて、遺伝子組換えシステムの標的細胞特異性を増加させる。例えば、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位は、非標的細胞型内に存在するが、標的細胞型内に存在しない（又は非標的細胞と比較して低下したレベルで存在する）ｍｉＲＮＡによって認識されることに基づいて選択され得る。従って、鋳型ＲＮＡが非標的細胞内に存在する場合、それはｍｉＲＮＡによって結合されることになり、鋳型ＲＮＡが標的細胞内に存在する場合、それはｍｉＲＮＡによって結合されない（又は専ら非標的細胞と比較して低下したレベルで結合される）ことになる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、ｍｉＲＮＡの鋳型ＲＮＡへの結合は、その活性に干渉することがあり、例えば、異種目的配列のゲノムへの挿入に干渉することがある。従って、このシステムであれば、標的細胞のゲノムを、それが非標的細胞のゲノムを編集する場合よりも効率的に編集することになり、例えば、異種目的配列であれば、標的細胞のゲノムに、非標的細胞のゲノムに挿入されるよりも効率的に挿入されることになり、又は挿入若しくは欠失は、標的細胞において、非標的細胞におけるよりも効率的に生成される。更に、鋳型ＲＮＡ（又はそれをコードするＤＮＡ）中にｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を有するシステムは、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸と組み合わせて使用され得、ここで、遺伝子組換えポリペプチドの発現は、例えば、本明細書に記載されるように、第２のｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位によって調節される。一部の実施形態では、例えば、肝臓の適応症の場合、ｍｉＲＮＡは、国際公開第２０２００１４２０９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表４から選択される。

【１０４９】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、ｍｉｃｒｏＲＮＡ配列、ｓｉＲＮＡ配列、ガイドＲＮＡ配列、又はｐｉｗｉ　ＲＮＡ配列を含む。

【１０５０】

プロモータ

一部の実施形態では、１つ若しくは複数のプロモータ又はエンハンサーを、遺伝子組換えタンパク質をコードする核酸又は例えば異種目的配列の発現を制御する鋳型核酸と作動可能に連結する。特定の実施形態では、１つ若しくは複数のプロモータ又はエンハンサーは、細胞型若しくは組織特異的エレメントを含む。一部の実施形態では、プロモータ又はエンハンサーは、同じであるか、又は異種目的配列の発現を天然で制御するプロモータ若しくはエンハンサーに由来する。例えば、オルニチントランスカルボミラーゼプロモータ及びエンハンサーを用いて、オルニチントランスカルボミラーゼ欠失を補正するために本発明により提供されるシステム若しくは方法におけるオルニチントランスカルボミラーゼ遺伝子の発現を制御することができる。一部の実施形態では、プロモータは、表１６又は１７のプロモータ又はその機能性断片若しくは変異体である。

【１０５１】

市販されている例示的な組織特異的プロモータは、例えば、ＵＲＬ（例えば、ｈｔｔｐｓ：／／ｗｗｗ．ｉｎｖｉｖｏｇｅｎ．ｃｏｍ／ｔｉｓｓｕｅ－ｓｐｅｃｉｆｉｃ－ｐｒｏｍｏｔｅｒｓ）に見出すことができる。一部の実施形態では、プロモータは、ネイティブプロモータ又は最小プロモータ（例えば、所与の遺伝子の５’領域からの単一断片から構成されるもの）である。一部の実施形態では、ネイティブプロモータは、コアプロモータとその天然の５’ＵＴＲを含む。一部の実施形態では、５’ＵＴＲは、イントロンを含む。他の実施形態では、これらは、起源の異なるプロモータを組み合わせるか、又は同じ起

源の最小プロモータと共に遠位エンハンサーをアセンブリングすることにより作製された複合プロモータを含む。

【１０５２】

例示的な細胞又は組織特異的プロモータを以下の表に記載し、それらをコードする例示的な核酸は、当技術分野で公知であり、様々なリソース、例えば、ＲｅｆＳｅｑ．を含むＮＣＢＩデータベース並びにＥｕｋａｒｙｏｔｉｃ　Ｐｒｏｍｏｔｅｒ　Ｄａｔａｂａｓｅ（／／ｅｐｄ．ｅｐｆｌ．ｃｈ／／ｉｎｄｅｘ．ｐｈｐ）を用いて、容易に入手することができる。

【１０５３】

【表１６】

*表 16. 例示的な細胞又は組織特異的プロモータ*

| プロモータ | 標的細胞 |
|---|---|
| B29 プロモータ | B 細胞 |
| CD14 プロモータ | 単球性細胞 |
| CD43 プロモータ | 白血球及び血小板 |
| CD45 プロモータ | 造血細胞 |
| CD68 プロモータ | マクロファージ |
| デスミンプロモータ | 筋肉細胞 |
| エラスターゼ-1 プロモータ | 膵腺房細胞 |
| エンドグリンプロモータ | 内皮細胞 |
| フィブロネクチンプロモータ | 分化細胞、治癒再生組織 |
| Flt-1 プロモータ | 内皮細胞 |
| GFAP プロモータ | 星状膠細胞 |
| GPIIB プロモータ | 巨核球 |
| ICAM-2 プロモータ | 内皮細胞 |
| INF-β プロモータ | 造血細胞 |
| Mb プロモータ | 筋肉細胞 |
| Nphs1 プロモータ | ポドサイト |
| OG-2 プロモータ | 骨芽細胞、象牙芽細胞 (Odonblasts) |
| SP-B プロモータ | 肺 |
| Syn1 プロモータ | ニューロン |
| WASP プロモータ | 造血細胞 |
| SV40/bAlb プロモータ | 肝臓 |
| SV40/bAlb プロモータ | 肝臓 |
| SV40/Cd3 プロモータ | 白血球及び血小板 |
| SV40/CD45 プロモータ | 造血細胞 |
| NSE/RU5'プロモータ | 成熟ニューロン |

【１０５４】

【表１７－１】

*表17.更なる例示的な細胞又は組織特異的プロモータ*

| プロモータ | 遺伝子記述 | 遺伝子特異性 |
|---|---|---|
| APOA2 | アポリポタンパク質 A-II | 肝細胞 (肝細胞前駆体由来) |
| SERPINA1 (hAAT) | セルピンペプチダーゼ阻害剤、クレード A (α1 抗プロテイナーゼ、アンチトリプシン)、メンバー1 (別名:α1 アンチトリプシン) | 肝細胞 (胚体内胚葉期からの) |
| CYP3A | チトクロム P450、ファミリー3、サブファミリーA、ポリペプチド | 成熟肝細胞 |
| MIR122 | MicroRNA 122 | 肝細胞 (初期胚性肝細胞由来) 及び内胚葉 |
| **膵臓特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| INS | インスリン | 膵 β 細胞 (胚体内胚葉期からの) |
| IRS2 | インスリン受容体基質 2 | 膵 β 細胞 |
| Pdx1 | 膵臓及び十二指腸ホメオボックス 1 | 膵臓 (胚体内胚葉期からの) |
| Alx3 | アリスタレス(Aristaless)様ホメオボックス 3 | 膵 β 細胞 (胚体内胚葉期からの) |
| Ppy | 膵ポリペプチド | PP 膵細胞 (ガンマ細胞) |
| **心臓特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| Myh6 (aMHC) | ミオシン、重鎖 6、心筋、α | 心筋細胞の後期分化マーカ (心房特異性) |
| MYL2 (MLC-2v) | ミオシン、軽鎖 2、調節、心臓、低速 | 心筋細胞の後期分化マーカ (心室特異性) |
| ITNNI3 (cTnI) | トロポニン I タイプ 3 (心臓) | 心筋細胞 (未成熟な状態からの) |
| ITNNI3 (cTnI) | トロポニン I タイプ 3 (心臓) | 心筋細胞 (未成熟な状態からの) |
| NPPA (ANF) | ナトリウム利尿ペプチド前駆体 A (別名:心房性ナトリウム利尿因子) | 成体細胞における心房特異性 |
| Slc8a1 (Ncx1) | 溶質キャリアファミリー8 (ナトリウム/カルシウム交換体)、メンバー1 | 初期発生段階由来の心筋細胞 |
| **CNS 特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| SYN1 (hSyn) | シナプシン 1 | ニューロン |
| GFAP | グリア線維酸性タンパク質 | 星状膠細胞 |
| INA | インターネキシンニューロン中間径フィラメントタンパク質、α (α-インターネキシン) | 神経前駆細胞 |
| NES | ネスチン | 神経前駆細胞及び外肺葉 |
| MOBP | ミエリン関連オリゴデンドロサイト塩基性タンパク質 | オリゴデンドロサイト |
| MBP | ミエリン塩基性タンパク質 | オリゴデンドロサイト |
| TH | チロシンヒドロキシラーゼ | ドーパミン作動性ニューロン |
| FOXA2 (HNF3β) | フォークヘッドボックス A2 | ドーパミン作動性ニューロン (内肺葉のマーカとしても使用される) |
| **皮膚特異的プロモータ** | | |

【１０５５】

【表１７－２】

| プロモータ | 遺伝子記述 | 遺伝子特異性 |
|---|---|---|
| FLG | フィラグリン | 顆粒層由来のケラチノサイト |
| K14 | ケラチン 14 | 顆粒層及び基底層由来のケラチノサイト |
| TGM3 | トランスグルタミナーゼ 3 | 顆粒層由来のケラチノサイト |
| **免疫細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| ITGAM (CD11B) | インテグリン、αM (補体成分 3 受容体 3 サブユニット) | 単球、マクロファージ、顆粒球、ナチュラルキラー細胞 |
| **尿生殖器細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| Pbsn | プロバシン | 前立腺上皮 |
| Upk2 | ウロプラキン 2 | 膀胱 |
| Sbp | スペルミン結合タンパク質 | 前立腺 |
| Fer1l4 | Fer-1 様 4 | 膀胱 |
| **内皮細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| ENG | エンドグリン | 内皮細胞 |
| **多能性細胞及び胚性細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| Oct4 (POU5F1) | POU クラス 5 ホメオボックス 1 | 多能性細胞 (生殖細胞、ES 細胞、iPS 細胞) |
| NANOG | Nanog ホメオボックス | 多能性細胞 (ES 細胞、iPS 細胞) |
| 合成 Oct4 | Oct-4 コアエンハンサーエレメントに基づく合成プロモータ | 多能性細胞 (ES 細胞、iPS 細胞) |
| T ブラキュリ | ブラキュリ(Brachyury) | 中胚葉 |
| NES | ネスチン | 神経前駆細胞及び外胚葉 |
| SOX17 | SRY (染色体性決定領域 Y)-ボックス 17 | 内胚葉 |
| FOXA2 (HNFJβ) | フォークヘッドボックス A2 | 内胚葉 (ドーパミン作動性ニューロンのマーカとしても使用される) |
| MIR122 | MicroRNA 122 | 内胚葉及び肝細胞 (初期胚性肝細胞由来～ |

【１０５６】
使用される宿主／ベクターシステムに応じて、構成性及び誘導性プロモータ、転写エンハンサーエレメント、転写ターミネーターなどを含め、いくつかの好適な転写及び翻訳制御エレメントのいずれも発現ベクターに使用し得る（例えば、Ｂｉｔｔｅｒ　ｅｔ　ａｌ．（１９８７）Ｍｅｔｈｏｄｓ　ｉｎ　Ｅｎｚｙｍｏｌｏｇｙ，１５３：５１６－５４４を参照されたい；尚、その全体が、参照により本明細書に組み込まれる）。

【１０５７】
一部の実施形態では、遺伝子組換えタンパク質をコードする核酸又は鋳型核酸は、制御エレメント、例えば、プロモータなどの転写制御エレメントと作動可能に連結される。転写制御エレメントは、一部の実施形態では、真核生物細胞、例えば、哺乳動物細胞；又は原核生物細胞（例えば、細菌若しくは古細菌細胞）のいずれかで機能性であり得る。一部の実施形態では、ポリペプチドをコードするヌクレオチド配列は、例えば、原核生物細胞及び真核生物細胞の両方でポリペプチドをコードするヌクレオチド配列の発現を可能にする、複数の制御エレメントと作動可能に連結される。

【１０５８】
例示の目的のために、空間限定プロモータの例として、限定されないが、ニューロン特異的プロモータ、脂肪細胞特異的プロモータ、心筋細胞特異的プロモータ、平滑筋特異的

プロモータ、光受容体特異的プロモータなどが挙げられる。ニューロン特異的空間限定プロモータとして、限定されないが、以下のものが挙げられる：ニューロン特異的エノラーゼ（ＮＳＥ）プロモータ（例えば、ＥＭＢＬ　ＨＳＥＮＯ２，Ｘ５１９５６を参照）；芳香族アミノ酸デカルボキシラーゼ（ＡＡＤＣ）プロモータ、ニューロフィラメントプロモータ（例えば、ＧｅｎＢａｎｋ　ＨＵＭＮＦＬ，Ｌ０４１４７を参照）；シナプシンプロモータ（例えば、ＧｅｎＢａｎｋ　ＨＵＭＳＹＮＩＢ，Ｍ５５３０１を参照）；ｔｈｙ－１プロモータ（例えば、Ｃｈｅｎ　ｅｔ　ａｌ．（１９８７）Ｃｅｌｌ　５１：７－１９；及びＬｌｅｗｅｌｌｙｎ，ｅｔ　ａｌ．（２０１０）Ｎａｔ．Ｍｅｄ．１６（１０）：１１６１－１１６６を参照）；セロトニン受容体プロモータ（例えば、ＧｅｎＢａｎｋ　Ｓ６２２８３を参照）；チロシンヒドロキシラーゼプロモータ（ＴＨ）（例えば、Ｏｈ　ｅｔ　ａｌ．（２００９）Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒ　１６：４３７；Ｓａｓａｏｋａ　ｅｔ　ａｌ．（１９９２）Ｍｏｌ．Ｂｒａｉｎ　Ｒｅｓ．１６：２７４；Ｂｏｕｎｄｙ　ｅｔ　ａｌ．（１９９８）Ｊ．Ｎｅｕｒｏｓｃｉ．１８：９９８９；及びＫａｎｅｄａ　ｅｔ　ａｌ．（１９９１）Ｎｅｕｒｏｎ　６：５８３－５９４を参照）；ＧｎＲＨプロモータ（例えば、Ｒａｄｏｖｉｃｋ　ｅｔ　ａｌ．（１９９１）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　８８：３４０２－３４０６を参照）；Ｌ７プロモータ（例えば、Ｏｂｅｒｄｉｃｋ　ｅｔ　ａｌ．（１９９０）Ｓｃｉｅｎｃｅ　２４８：２２３－２２６を参照）；ＤＮＭＴプロモータ（例えば、Ｂａｒｔｇｅ　ｅｔ　ａｌ．（１９８８）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　８５：３６４８－３６５２を参照）；エンケファリンプロモータ（例えば、Ｃｏｍｂ　ｅｔ　ａｌ．（１９８８）ＥＭＢＯ　Ｊ．１７：３７９３－３８０５を参照）；ミエリン塩基性タンパク質（ＭＢＰ）プロモータ；Ｃａ２＋カルモジュリン依存性タンパク質キナーゼＩＩ－α（ＣａｍＫＩＩα）プロモータ（例えば、Ｍａｙｆｏｒｄ　ｅｔ　ａｌ．（１９９６）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　９３：１３２５０；及びＣａｓａｎｏｖａ　ｅｔ　ａｌ．（２００１）Ｇｅｎｅｓｉｓ　３１：３７を参照）；ＣＭＶエンハンサー／血小板由来成長因子－βプロモータ（例えば、Ｌｉｕ　ｅｔ　ａｌ．（２００４）Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒａｐｙ　１１：５２－６０を参照）；など。

【１０５９】

脂肪細胞特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下のものが挙げられる：ａＰ２遺伝子プロモータ／エンハンサー、例えば、ヒトａＰ２遺伝子の－５．４ｋｂから＋２１ｂｐまでの領域（例えば、Ｔｏｚｚｏ　ｅｔ　ａｌ．（１９９７）Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１３８：１６０４；Ｒｏｓｓ　ｅｔ　ａｌ．（１９９０）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　８７：９５９０；及びＰａｖｊａｎｉ　ｅｔ　ａｌ．（２００５）Ｎａｔ．Ｍｅｄ．１１：７９７を参照）；グルコーストランスポーター－４（ＧＬＵＴ４）プロモータ（例えば、Ｋｎｉｇｈｔ　ｅｔ　ａｌ．（２００３）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　１００：１４７２５を参照）；脂肪酸トランスロカーゼ（ＦＡＴ／ＣＤ３６）プロモータ（例えば、Ｋｕｒｉｋｉ　ｅｔ　ａｌ．（２００２）Ｂｉｏｌ．Ｐｈａｒｍ．Ｂｕｌｌ．２５：１４７６；及びＳａｔｏ　ｅｔ　ａｌ．（２００２）Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．２７７：１５７０３を参照）；ステアロイル－ＣｏＡデサチュラーゼ－１（ＳＣＤ１）プロモータ（Ｔａｂｏｒ　ｅｔ　ａｌ．（１９９９）Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．２７４：２０６０３）；レプチンプロモータ（例えば、Ｍａｓｏｎ　ｅｔ　ａｌ．（１９９８）Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１３９：１０１３；及びＣｈｅｎ　ｅｔ　ａｌ．（１９９９）Ｂｉｏｃｈｅｍ．Ｂｉｏｐｈｙｓ．Ｒｅｓ．Ｃｏｍｍ．２６２：１８７を参照）；アジドネクチンプロモータ（例えば、Ｋｉｔａ　ｅｔ　ａｌ．（２００５）Ｂｉｏｃｈｅｍ．Ｂｉｏｐｈｙｓ．Ｒｅｓ．Ｃｏｍｍ．３３１：４８４；及びＣｈａｋｒａｂａｒｔｉ　（２０１０）Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１５１：２４０８を参照）；アジプシンプロモータ（例えば、Ｐｌａｔｔ　ｅｔ　ａｌ．（１９８９）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ　８６：７４９０を参照）；レジスチンプロモータ（例えば、Ｓｅｏ　ｅｔ　ａｌ．（２００３）Ｍｏｌｅｃ．Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１７：１５２２を参照）；など。

【１０６０】
心筋細胞特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下の遺伝子；ミオシン軽鎖－２、α－ミオシン重鎖、ＡＥ３、心臓トロポニンＣ、心臓アクチンなどに由来する制御配列が挙げられる。Ｆｒａｎｚ ｅｔ ａｌ．（１９９７）Ｃａｒｄｉｏｖａｓｃ．Ｒｅｓ．３５：５６０－５６６；Ｒｏｂｂｉｎｓ ｅｔ ａｌ．（１９９５）Ａｎｎ．Ｎ．Ｙ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．７５２：４９２－５０５；Ｌｉｎｎ ｅｔ ａｌ．（１９９５）Ｃｉｒｃ．Ｒｅｓ．７６：５８４－５９１；Ｐａｒｍａｃｅｋ ｅｔ ａｌ．（１９９４）Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．１４：１８７０－１８８５；Ｈｕｎｔｅｒ ｅｔ ａｌ．（１９９３）Ｈｙｐｅｒｔｅｎｓｉｏｎ ２２：６０８－６１７；及びＳａｒｔｏｒｅｌｌｉ ｅｔ ａｌ．（１９９２）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８９：４０４７－４０５１。

【１０６１】
平滑筋細胞特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下のものが挙げられる：ＳＭ２２αプロモータ（例えば、Ａｋｙｕｅｒｅｋ ｅｔ ａｌ．（２０００）Ｍｏｌ．Ｍｅｄ．６：９８３；及び米国特許第７，１６９，８７４号明細書を参照）；スムーセリンプロモータ（例えば、国際公開第２００１／０１８０４８号パンフレットを参照）；α－平滑筋アクチンプロモータ；など。例えば、ＳＭ２２αプロモータの０．４ｋｂ領域（その内部に２つのＣＡｒＧエレメントが位置する）は、血管の平滑筋細胞特異的発現を媒介することが明らかにされている（例えば、Ｋｉｍ，ｅｔ ａｌ．（１９９７）Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．１７，２２６６－２２７８；Ｌｉ，ｅｔ ａｌ．，（１９９６）Ｊ．Ｃｅｌｌ Ｂｉｏｌ．１３２ ８４９－８５９；及びＭｏｅｓｓｌｅｒ，ｅｔ ａｌ．（１９９６）Ｄｅｖｅｌｏｐｍｅｎｔ １２２，２４１５－２４２５を参照）。

【１０６２】
光受容体特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下のものが挙げられる：ロドプシンキナーゼプロモータ（Ｙｏｕｎｇ ｅｔ ａｌ．（２００３）Ｏｐｈｔｈａｌｍｏｌ．Ｖｉｓ．Ｓｃｉ．４４：４０７６）；βホスホジエステラーゼ遺伝子プロモータ（Ｎｉｃｏｕｄ ｅｔ ａｌ．（２００７）Ｊ．Ｇｅｎｅ Ｍｅｄ．９：１０１５）；網膜色素変性遺伝子プロモータ（Ｎｉｃｏｕｄ ｅｔ ａｌ．（２００７）前掲）；光受容体間レチノイド結合タンパク質（ＩＲＢＰ）遺伝子エンハンサー（Ｎｉｃｏｕｄ ｅｔ ａｌ．（２００７）前掲）；ＩＲＢＰ遺伝子プロモータ（Ｙｏｋｏｙａｍａ ｅｔ ａｌ．（１９９２）Ｅｘｐ Ｅｙｅ Ｒｅｓ．５５：２２５）；など。

【１０６３】
一部の実施形態では、遺伝子組換えシステム、例えば、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＤＮＡ、鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ、又は異種目的配列をコードするＤＮＡ若しくはＲＮＡは、１つ又は複数のエレメントが、組織特異的プロモータ、例えば、Ｔ細胞内で活性があるプロモータに作動可能に連結されるように設計される。更なる実施形態では、Ｔ細胞活性プロモータは、他の細胞型、例えば、Ｂ細胞、ＮＫ細胞において不活性である。一部の実施形態では、Ｔ細胞活性プロモータは、Ｔ細胞受容体の成分、例えば、ＴＲＡＣ、ＴＲＢＣ、ＴＲＧＣ、ＴＲＤＣをコードする遺伝子についてのプロモータに由来する。一部の実施形態では、Ｔ細胞活性プロモータは、分化タンパク質のＴ細胞特異的クラスターの成分、例えば、ＣＤ３、例えば、ＣＤ３Ｄ、ＣＤ３Ｅ、ＣＤ３Ｇ、ＣＤ３Ｚをコードする遺伝子についてのプロモータに由来する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムにおけるＴ細胞特異的プロモータは、公的に利用可能な遺伝子発現データを細胞型にわたって比較し、Ｔ細胞内での発現が増強された遺伝子からプロモータを選択することによって発見される。一部の実施形態では、プロモータは、所望の発現幅に応じて選択され得、例えば、Ｔ細胞のみにおいて活性があるプロモータ、ＮＫ細胞のみにおいて活性があるプロモータ、Ｔ細胞及びＮＫ細胞の両方において活性があるプロモータである。

【１０６４】
当技術分野で公知の細胞特異的プロモータを用いて、例えば、本明細書に記載される遺伝子組換えタンパク質の発現を指令することができる。非限定的な例示的哺乳動物細胞特

異的プロモータは、特性決定されており、細胞特異的にＣｒｅリコンビナーゼを発現するマウスに使用されている。いくつかの非限定的な例示的哺乳動物細胞特異的プロモータは、米国特許第９８４５４８１号明細書（参照により本明細書に組み込まれる）の表１に列挙されている。

【１０６５】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるベクターは、発現カセットを含む。典型的に、発現カセットは、プロモータ配列と作動可能に連結した本発明の核酸分子を含む。例えば、プロモータは、それが、コーディング配列の発現に影響を及ぼすことができる場合、コーディング配列と作動可能に連結している（例えば、コーディング配列は、プロモータの転写制御下にある）。コーディング配列は、センス又はアンチセンス配向で調節配列と作動可能に連結することができる。特定の実施形態では、プロモータは、異種プロモータである。特定の実施形態では、発現カセットは、別のエレメント、例えば、イントロン、エンハンサー、ポリアデニル化部位、ウッドチャック（ｗｏｏｄｃｈｕｃｋ）応答エレメント（ＷＲＥ）、及び／又はコーディング配列の発現レベルに影響を及ぼすことがわかっている他のエレメントを含み得る。プロモータは、典型的に、コーディング配列又は機能性ＲＮＡの発現を制御する。特定の実施形態では、プロモータ配列は、近位及びより遠位の上流エレメントを含み、更にエンハンサーエレメントも含み得る。エンハンサーは、典型的に、プロモータ活性を刺激することができ、プロモータの天然のエレメントであり得るか、又はプロモータのレベル若しくは組織特異性を増強するために挿入された異種エレメントであり得る。特定の実施形態では、プロモータは、その全体がネイティブ遺伝子に由来する。特定の実施形態では、プロモータは、天然に存在する異なるプロモータ由来の様々なエレメントから構成される。特定の実施形態では、プロモータは、合成ヌクレオチド配列を含む。当業者であれば、種々のプロモータが、様々な組織若しくは細胞型において、又は様々な発生段階において、又は様々な環境条件又は薬剤若しくは転写補因子の存在若しくは非存在に応答して、遺伝子の発現を指令し得ることが理解されるであろう。ユビキタス、細胞型特異的、組織特異的、発生段階特異的、及び条件的プロモータ、例えば、薬剤応答性プロモータ（例えばテトラサイクリン応答性プロモータ）は、当業者に周知である。例示的なプロモータとして、限定されないが、ホスホグリセリン酸キナーゼ（ＰＫＧ）プロモータ、ＣＡＧ（ＣＭＶエンハンサー、ニワトリβアクチンプロモータ（ＣＢＡ）及びウサギβグロビンイントロンの複合物）、ＮＳＥ（ニューロン特異的エノラーゼ）、シナプシン若しくはＮｅｕＮプロモータ、ＳＶ４０初期プロモータ、マウス乳房腫瘍ウイルスＬＴＲプロモータ；アデノウイルス主要後期プロモータ（Ａｄ　ＭＬＰ）、単純ヘルペスウイルス（ｈｅｒｐｅｓ　ｓｉｍｐｌｅｘ　ｖｉｒｕｓ）（ＨＳＶ）プロモータ、サイトメガロウイルス（ｃｙｔｏｍｅｇａｌｏｖｉｒｕｓ）（ＣＭＶ）プロモータ、例えば、ＣＭＶ最初期プロモータ領域（ＣＭＶＩＥ）、ＳＦＦＶプロモータ、ラウス肉腫ウイルス（ｒｏｕｓ　ｓａｒｃｏｍａ　ｖｉｒｕｓ）（ＲＳＶ）プロモータ、合成プロモータ、ハイブリダイゼーションプロモータなどが挙げられる。他のプロモータは、ヒト由来又はマウスをはじめとする他の種由来のものであり得る。一般的なプロモータとしては、例えば、ヒトサイトメガロウイルス（ｃｙｔｏｍｅｇａｌｏｖｉｒｕｓ）（ＣＭＶ）最初期遺伝子プロモータ、ＳＶ４０初期プロモータ、ラウス肉腫ウイルス（Ｒｏｕｓ　ｓａｒｃｏｍａ　ｖｉｒｕｓ）の長い末端反復、［β］－アクチン、ラットインスリンプロモータ、ホスホグリセリン酸キナーゼプロモータ、ヒトα－１アンチトリプシン（ｈＡＡＴ）プロモータ、トランスサイレチンプロモータ、ＴＢＧプロモータ及び他の肝臓特異的プロモータ、デスミンプロモータ及び類似の筋肉特異的プロモータ、ＥＦ１－α－プロモータ、多組織特異性を備えるハイブリッドプロモータ、シナプシン及びグリセルアルデヒド－３－リン酸デヒドロゲナーゼプロモータのようなニューロン特異的プロモータが挙げられ、これらは、全て当業者に周知であり、容易に入手可能であり、目的のコーディング配列の高レベルの発現を達成するために使用することができる。加えて、マウスメタロチオネイン遺伝子などの非ウイルス遺伝子由来の配列も本発明において有用であろう。こうしたプロモータ配列は、例えば、Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ（Ｓａｎ　Ｄｉｅｇｏ，ＣＡ）から

市販されている。更に別の例示的なプロモータ配列は、例えば、国際公開第２０１８２１３７８６Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１０６６】

一部の実施形態では、例えば、肝臓での発現を駆動するために、アポリポタンパク質Ｅエンハンサー（ＡｐｏＥ）又はその機能性断片を使用する。一部の実施形態では、ＡｐｏＥエンハンサー又はその機能性断片の２コピーを使用する。一部の実施形態では、ＡｐｏＥエンハンサー又はその機能性断片をプロモータ、例えば、ヒトα－１アンチトリプシン（ｈＡＡＴ）プロモータと組み合わせて使用する。

【１０６７】

一部の実施形態では、調節配列は、組織特異的遺伝子発現能力を付与する。いくつかのケースでは、組織特異的調節配列は、組織特異的に転写を誘導する組織特異的転写因子に結合する。様々な組織特異的調節配列（例えば、プロモータ、エンハンサーなど）が当技術分野で公知である。例示的な組織特異的調節配列として、限定されないが、以下の組織特異的プロモータが挙げられる：肝臓特異的チロキシン結合グロブリン（ＴＢＧ）プロモータ、インスリンプロモータ、グルカゴンプロモータ、ソマトスタチンプロモータ、膵ポリペプチド（ＰＰＹ）プロモータ、シナプシン－１（Ｓｙｎ）プロモータ、クレアチンキナーゼ（ＭＣＫ）プロモータ、哺乳動物デスミン（ＤＥＳ）プロモータ、α－ミオシン重鎖（ａ－ＭＨＣ）プロモータ、又は心臓トロポニンＴ（ｃＴｎＴ）プロモータ。他の例示的なプロモータとしては、β－アクチンプロモータ、Ｂ型肝炎ウイルスコアプロモータ、Ｓａｎｄｉｇ ｅｔ ａｌ．，Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．，３：１００２－９（１９９６）；α－フェトプロテイン（ＡＦＰ）プロモータ、Ａｒｂｕｔｈｎｏｔ ｅｔ ａｌ．，Ｈｕｍ．Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．，７：１５０３－１４（１９９６））、骨オステオカルシンプロモータ（Ｓｔｅｉｎ ｅｔ ａｌ．、Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．Ｒｅｐ．，２４：１８５－９６（１９９７））；骨シアロタンパク質プロモータ（Ｃｈｅｎ ｅｔ ａｌ．，Ｊ．Ｂｏｎｅ Ｍｉｎｅｒ．Ｒｅｓ．，１１：６５４－６４（１９９６））、ＣＤ２プロモータ（Ｈａｎｓａｌ ｅｔ ａｌ．，Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．，１６１：１０６３－８（１９９８）；免疫グロブリン重鎖プロモータ；Ｔ細胞受容体α－鎖プロモータ、ニューロン特異的エノラーゼ（ＮＳＥ）プロモータなどのニューロンプロモータ（Ａｎｄｅｒｓｅｎ ｅｔ ａｌ．，Ｃｅｌｌ．Ｍｏｌ．Ｎｅｕｒｏｂｉｏｌ．，１３：５０３－１５（１９９３））、ニューロフィラメント軽鎖遺伝子プロモータ（Ｐｉｃｃｉｏｌｉ ｅｔ ａｌ．，Ｐｒｏｃ． Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ，８８：５６１１－５（１９９１））並びにニューロン特異的ｖｇｆ遺伝子プロモータ（Ｐｉｃｃｉｏｌｉ ｅｔ ａｌ．，Ｎｅｕｒｏｎ，１５：３７３－８４（１９９５））などが挙げられる。別の例示的なプロモータ配列は、例えば、米国特許第１０３００１４６号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。一部の実施形態では、組織特異的調節エレメント、例えば、組織特異的プロモータは、例えば、ＲＮＡ－ｓｅｑ若しくはタンパク質発現データ、又はそれらの組合せにより測定して、所与の組織中で高度に発現される遺伝子と作動可能に連結していることがわかっているものから選択される。発現による組織特異性を分析する方法は、Ｆａｇｅｒｂｅｒｇ ｅｔ ａｌ．Ｍｏｌ Ｃｅｌｌ Ｐｒｏｔｅｏｍｉｃｓ １３（２）：３９７－４０６ （２０１４）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に教示されている。

【１０６８】

一部の実施形態では、本明細書に記載のベクターは、マルチシストロン性発現構築物である。マルチシストロン性発現構築物として、例えば、第１発現カセット（例えば、第１プロモータ及び第１コーディング核酸配列を含む）と、第２発現カセット（例えば、第２プロモータ及び第２コーディング核酸配列を含む）を有する構築物が挙げられる。こうしたマルチシストロン性発現構築物は、いくつかの事例では、ポリペプチド、例えば遺伝子組換えポリペプチド及び遺伝子組換え鋳型と一緒に、ヘアピンＲＮＡなどの非翻訳遺伝子産物の送達に特に有用となり得る。一部の実施形態では、マルチシストロン性発現構築物

は、例えば、プロモータ干渉、又は不適合性核酸エレメントの近接した存在のために、含まれる導入遺伝子の１つ若しくは複数の発現レベル低下を呈示し得る。マルチシストロン性発現構築物がウイルスベクターの一部である場合、自己相補性核酸配列の存在は、いくつかの事例において、ウイルスの増殖又はパッケージングに必要な構造の形成を妨害し得る。

【１０６９】

一部の実施形態では、配列は、ヘアピンを有するＲＮＡをコードする。一部の実施形態では、ヘアピンＲＮＡは、ガイドＲＮＡ、鋳型ＲＮＡ、ｓｈＲＮＡ、又はｍｉｃｒｏＲＮＡである。一部の実施形態では、第１プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩプロモータである。一部の実施形態では、第１プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩＩプロモータである。一部の実施形態では、第２プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩＩＩプロモータである。一部の実施形態では、第２プロモータは、Ｕ６又はＨ１プロモータである。

【１０７０】

特定の理論に束縛されることを意図しないが、マルチシストロン性発現構築物は、ただ１つのシストロンを含む発現システムと比較して、最適な発現レベルを達成しないと考えられる。２つ以上のプロモータエレメントを含むマルチシストロン性発現構築物を用いて達成される発現レベル低下について示される原因の１つは、プロモータ干渉の現象である（例えば、Ｃｕｒｔｉｎ Ｊ Ａ，Ｄａｎｅ Ａ Ｐ，Ｓｗａｎｓｏｎ Ａ，Ａｌｅｘａｎｄｅｒ Ｉ Ｅ，Ｇｉｎｎ Ｓ Ｌ．Ｂｉｄｉｒｅｃｔｉｏｎａｌ ｐｒｏｍｏｔｅｒ ｉｎｔｅｒｆｅｒｅｎｃｅ ｂｅｔｗｅｅｎ ｔｗｏ ｗｉｄｅｌｙ ｕｓｅｄ ｉｎｔｅｒｎａｌ ｈｅｔｅｒｏｌｏｇｏｕｓ ｐｒｏｍｏｔｅｒｓ ｉｎ ａ ｌａｔｅ－ｇｅｎｅｒａｔｉｏｎ ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ ｃｏｎｓｔｒｕｃｔ．Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．２００８ Ｍａｒｃｈ；１５（５）：３８４－９０；及びＭａｒｔｉｎ－Ｄｕｑｕｅ Ｐ，Ｊｅｚｚａｒｄ Ｓ，Ｋａｆｔａｎｓｉｓ Ｌ，Ｖａｓｓａｕｘ Ｇ．Ｄｉｒｅｃｔ ｃｏｍｐａｒｉｓｏｎ ｏｆ ｔｈｅ ｉｎｓｕｌａｔｉｎｇ ｐｒｏｐｅｒｔｉｅｓ ｏｆ ｔｗｏ ｇｅｎｅｔｉｃ ｅｌｅｍｅｎｔｓ ｉｎ ａｎ ａｄｅｎｏｖｉｒａｌ ｖｅｃｔｏｒ ｃｏｎｔａｉｎｉｎｇ ｔｗｏ ｄｉｆｆｅｒｅｎｔ ｅｘｐｒｅｓｓｉｏｎ ｃａｓｓｅｔｔｅｓ．Ｈｕｍ Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．２００４ Ｏｃｔｏｂｅｒ；１５（１０）：９９５－１００２を参照されたい；尚、いずれの参照文献も、プロモータ干渉現象の開示について、参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、プロモータ干渉の問題は、例えば、内部リボソーム進入部位により隔てられる複数のコーディング核酸配列の転写を駆動するただ１つのプロモータを含むマルチシストロン性発現構築物を生成することにより、又は転写インスレータエレメントを備えるそれ自身のプロモータを含むシストロンを分離することによって解消することができる。一部の実施形態では、単一プロモータにより駆動される多シストロンの発現は、シストロンの不均一な発現レベルを招き得る。一部の実施形態では、プロモータを効率的に分離することはできず、分離エレメントは、一部の遺伝子導入ベクター、例えば、一部のレトロウイルスベクターと適合性ではない場合がある。

【１０７１】

ｍｉｃｒｏＲＮＡ

ｍｉｃｒｏＲＮＡ（ｍｉＲＮＡ）及び他の低分子干渉核酸は、一般に、標的ＲＮＡ転写物切断／分解又は標的メッセンジャーＲＮＡ（ｍＲＮＡ）の翻訳抑制によって遺伝子発現を調節する。ｍｉＲＮＡは、いくつかの事例において、典型的に、最終的な１９～２５の非翻訳ＲＮＡ産物として天然に発現され得る。ｍｉＲＮＡは、一般に、標的ｍＲＮＡの３’非翻訳領域（ＵＴＲ）との配列特異的相互作用を介してその活性を呈示する。これらの内在性発現ｍｉＲＮＡは、ヘアピン前駆体を形成し得るが、これらは、後に、ｍｉＲＮＡデュープレックス、更には成熟一本鎖ｍｉＲＮＡ分子にプロセシングされる。この成熟ｍｉＲＮＡは、一般に、多タンパク質複合体、ｍｉＲＩＳＣを誘導し、これは、成熟ｍｉＲＮＡに対するその相補性に基づいて標的ｍＲＮＡの標的３’ＵＴＲ領域を識別する。有用な導入遺伝子産物として、例えば、連結ポリペプチドの発現を調節するｍｉＲＮＡ又はｍ

ｉＲＮＡ結合部位を挙げることができる。ｍｉＲＮＡ遺伝子；これら遺伝子の産物及びその相同体の非限定的なリストは、導入遺伝子として、又は低分子干渉核酸（例えば、ｍｉＲＮＡスポンジ、アンチセンスオリゴヌクレオチド）の標的として、例えば、参照により本明細書に組み込まれる米国特許第１０３００１４６号明細書、２２：２５－２５：４８に列挙されるものなどの方法において有用である。一部の実施形態では、前述したｍｉＲＮＡの１つ又は複数に対する１つ若しくは複数の結合部位は、導入遺伝子、例えば、ｒＡＡＶベクターにより送達される導入遺伝子に組み込まれて、例えば、その導入遺伝子を保有する動物の１つ若しくは複数の組織中の導入遺伝子の発現を阻害する。一部の実施形態では、組織特異的に導入遺伝子の発現を制御するように、結合部位を選択し得る。例えば、肝臓特異適ｍｉＲ－１２２に対する結合部位を導入遺伝子に組み込んで、肝臓中のその導入遺伝子の発現を阻害することができる。別の例示的なｍｉＲＮＡ配列は、例えば、米国特許第１０，３００，１４６号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１０７２】

ｍｉＲ阻害剤又はｍｉＲＮＡ阻害剤は、概して、ｍｉＲＮＡ発現及び／又はプロセシングを阻止する薬剤である。こうした薬剤の例として、限定されないが、ｍｉｃｒｏＲＮＡアンタゴニスト、ｍｉｃｒｏＲＮＡ特異的アンチセンス、ｍｉｃｒｏＲＮＡスポンジ、及びｍｉｃｒｏＲＮＡオリゴヌクレオチド（二本鎖、ヘアピン、短いオリゴヌクレオチド）が挙げられ、これらは、Ｄｒｏｓｈａ複合体とのｍｉＲＮＡ相互作用を阻害する。ｍｉｃｒｏＲＮＡ阻害剤、例えば、ｍｉＲＮＡスポンジは、導入遺伝子から細胞に発現させることができる（例えば、Ｅｂｅｒｔ，Ｍ．Ｓ．Ｎａｔｕｒｅ　Ｍｅｔｈｏｄｓ，Ｅｐｕｂ　Ａｕｇ．１２，２００７に記載の通り；尚、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、ｍｉｃｒｏＲＮＡスポンジ、又は他のｍｉＲ阻害剤は、ＡＡＶと一緒に使用される。ｍｉｃｒｏＲＮＡスポンジは、一般に、相補的ヘプタマーシード配列を介して、ｍｉＲＮＡを特異的に阻害する。一部の実施形態では、単一のスポンジ配列を用いて、ｍｉＲＮＡのファミリー全体をサイレンシングすることができる。細胞中でｍｉＲＮＡ機能をサイレンシングする（ｍｉＲＮＡ標的の抑制解除）他の方法は、当業者に明らかであろう。

【１０７３】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステム、鋳型ＲＮＡ、又はポリペプチドは、標的組織、例えば、第１の組織に投与されるか、又はそこで活性である（例えば、より活性である）。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステム、鋳型ＲＮＡ、又はポリペプチドは、非標的組織に投与されないか、又は非標的組織において活性が低い（例えば、活性でない）。一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステム、鋳型ＲＮＡ、又はポリペプチドは、標的組織、例えば、第１組織において、ＤＮＡを修飾する（そして例えば、非標的組織においてＤＮＡを修飾しない）のに有用である。

【１０７４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、（ａ）本明細書に記載のポリペプチド又はそれをコードする核酸、（ｂ）本明細書に記載の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）、及び（ｃ）標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列を含み、ここで、標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）と機能的に関連しており、（ａ）と関連する場合、（ａ）はポリペプチドをコードする核酸を含む。

【１０７５】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸はＲＮＡを含む。

【１０７６】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸はＤＮＡを含む。

【１０７７】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸は：（ｉ）一本鎖であるか、又は一本鎖セグメントを含む、例えば、一本鎖ＤＮＡであるか、又は一本鎖セグメント及び１つ若しくは複数の

二本鎖セグメントを含む；（ｉｉ）逆末端反復を有する；又は（ｉｉｉ）（ｉ）と（ｉｉ）の両方である。

【１０７８】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸は二本鎖であるか、又は二本鎖セグメントを含む。

【１０７９】

一部の実施形態では、（ａ）は、ポリペプチドをコードする核酸を含む。

【１０８０】

一部の実施形態では、（ａ）の核酸はＲＮＡを含む。

【１０８１】

一部の実施形態では、（ａ）の核酸はＤＮＡを含む。

【１０８２】

一部の実施形態では、（ａ）の核酸は：（ｉ）一本鎖であるか、又は一本鎖セグメントを含む、例えば、一本鎖ＤＮＡであるか、又は一本鎖セグメント及び１つ若しくは複数の二本鎖セグメントを含む；（ｉｉ）逆末端反復を有する；又は（ｉｉｉ）（ｉ）と（ｉｉ）の両方である。

【１０８３】

一部の実施形態では、（ａ）の核酸は二本鎖であるか、又は二本鎖セグメントを含む。

【１０８４】

一部の実施形態では、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）における核酸は線状である。

【１０８５】

一部の実施形態では、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）における核酸は、環状、例えば、プラスミド又はミニサークルである。

【１０８６】

一部の実施形態では、異種目的配列は、第１プロモータと機能的に関連している。

【１０８７】

一部の実施形態では、１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、組織特異的プロモータを含む。

【１０８８】

一部の実施形態では、組織特異的プロモータは、以下と機能的に関連する第１プロモータを含む：（ｉ）異種目的配列、（ｉｉ）レトロウイルスＲＴをコードする核酸、又は（ｉｉｉ）（ｉ）及び（ｉｉ）。

【１０８９】

一部の実施形態では、１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、以下と機能的に関連する組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を含む：（ｉ）異種目的配列、（ｉｉ）レトロウイルスＲＴドメインをコードする核酸、又は（ｉｉｉ）（ｉ）及び（ｉｉ）。

【１０９０】

一部の実施形態では、システムは組織特異的プロモータを含み、システムは１つ又は複数の組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を更に含み、ここで、（ｉ）組織特異的プロモータは、（Ｉ）異種目的配列、（ＩＩ）レトロウイルスＲＴドメインをコードする核酸、又は（ＩＩＩ）（ｉ）及び（ｉｉ）と機能的に関連している；且つ／又は（ｉｉ）１つ又は複数の組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列は、（Ｉ）異種目的配列、（ＩＩ）レトロウイルスＲＴをコードする核酸、又は（ＩＩＩ）（ｉ）及び（ｉｉ）と機能的に関連している。

【１０９１】

一部の実施形態では、（ａ）は、ポリペプチドをコードする核酸を含み、核酸は、ポリペプチドをコードする核酸と機能的に関連するプロモータを含む。

【１０９２】

一部の実施形態では、ポリペプチドをコードする核酸は、ポリペプチドコード配列と機能的に関連する標的組織に特異的な１つ又は複数の第２組織特異的発現制御配列を含む。

【１０９３】
一部の実施形態では、１つ又は複数の第２組織特異的発現制御配列は、組織特異的プロモータを含む。
【１０９４】
一部の実施形態では、組織特異的プロモータは、ポリペプチドをコードする核酸と機能的に関連するプロモータである。
【１０９５】
一部の実施形態では、１つ又は複数の第２組織特異的発現制御配列は、組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を含む。
【１０９６】
一部の実施形態では、ポリペプチドをコードする核酸と機能的に関連するプロモータは、組織特異的プロモータであり、システムは、１つ又は複数の組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を更に含む。
【１０９７】
一部の実施形態では、本発明によって提供されるシステムの核酸成分は、タンパク質発現レベルを改変する非翻訳領域（ＵＴＲ）に隣接する配列（例えば、ポリペプチドをコードするか、又は異種目的配列を含む）である。様々な５’及び３’ＵＴＲがタンパク質発現に影響を与え得る。例えば、一部の実施形態では、コード配列は、ＲＮＡの安定性又はタンパク質翻訳を修飾する５’ＵＴＲが先行し得る。一部の実施形態では、配列の後に、ＲＮＡの安定性又は翻訳を修飾する３’ＵＴＲが続き得る。一部の実施形態では、配列は、ＲＮＡの安定性又は翻訳を修飾するように、５’ＵＴＲが先行し、３’ＵＴＲが後続し得る。一部の実施形態では、５’及び／又は３’ＵＴＲは、補体因子３（Ｃ３）（ＣＡＣＴＣＣＴＣＣＣＣＡＴＣＣＴＣＴＣＣＣＴＣＴＧＴＣＣＣＴＣＴＧＴＣＣＣＴＣＴＧＡＣＣＣＴＧＣＡＣＴＧＴＣＣＣＡＧＣＡＣＣ；配列番号１１，００４）又はオロソムコイド１（ＯＲＭ１）（ＣＡＧＧＡＣＡＣＡＧＣＣＴＴＧＧＡＴＣＡＧＧＡＣＡＧＡＧＡＣＴＴＧＧＧＧＧＣＣＡＴＣＣＴＧＣＣＣＣＴＣＣＡＡＣＣＣＧＡＣＡＴＧＴＧＴＡＣＣＴＣＡＧＣＴＴＴＴＣＣＣＴＣＡＣＴＴＧＣＡＴＣＡＡＴＡＡＡＧＣＴＴＣＴＧＴＧＴＴＴＧＧＡＡＣＡＧＣＴＡＡ；配列番号１１，００５）の５’及び３’ＵＴＲから選択され得る（Ａｓｒａｎｉ ｅｔ ａｌ．ＲＮＡ Ｂｉｏｌｏｇｙ ２０１８）。特定の実施形態では、５’ＵＴＲはＣ３からの５’ＵＴＲであり、３’ＵＴＲはＯＲＭ１からの３’ＵＴＲである。特定の実施形態では、タンパク質発現のための５’ＵＴＲ及び３’ＵＴＲ、例えば、遺伝子組換えポリペプチド若しくは異種目的配列のためのｍＲＮＡ（又はＲＮＡをコードするＤＮＡ）は、最適化された発現配列を含む。一部の実施形態では、例えば、Ｒｉｃｈｎｅｒ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ １６８（６）：Ｐ１１１４－１１２５（２０１７）（その配列は、参照により本明細書に組み込まれる）に記載されているように、５’ＵＴＲは、ＧＧＧＡＡＡＵＡＡＧＡＧＡＧＡＡＡＡＧＡＡＧＡＧＵＡＡＧＡＡＧＡＡＡＵＡＵＡＡＧＡＧＣＣＡＣＣ（配列番号１１，００６）を含み、及び／又は３’ＵＴＲは、ＵＧＡＵＡＡＵＡＧＧＣＵＧＧＡＧＣＣＵＣＧＧＵＧＧＣＣＡＵＧＣＵＵＣＵＵＧＣＣＣＣＵＵＧＧＧＣＣＵＣＣＣＣＣＣＣＡＧＣＣＣＣＵＣＣＵＣＣＣＣＵＵＣＣＵＧＣＡＣＣＣＧＵＡＣＣＣＣＣＧＵＧＧＵＣＵＵＵＧＡＡＵＡＡＡＧＵＣＵＧＡ（配列番号１１，００７）を含む。
【１０９８】
一部の実施形態では、５’及び／又は３’ＵＴＲを選択して、タンパク質発現が増強され得る。一部の実施形態では、過剰産生阻害が最小限に抑えられるようにタンパク質発現を修飾するように、５’及び／又は３’ＵＴＲを選択し得る。一部の実施形態では、ＵＴＲはコード配列の周囲にあり、例えば、コード配列の外側にあり、他の実施形態では、コード配列に近接している。一部の実施形態では、更なる調節エレメント（例えば、ｍｉＲＮＡ結合部位、シス調節部位）がＵＴＲに含まれる。
【１０９９】
一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのオープンリーディングフレーム、例えば、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｍＲＮＡ（若しくはｍＲＮＡをコードするＤＮ

Ａ）のＯＲＦ又は異種目的配列のｍＲＮＡ（若しくはｍＲＮＡをコードするＤＮＡ）の１つ若しくは複数のＯＲＦは、その発現を増強する、５’及び／又は３’非翻訳領域（ＵＴＲ）によりフランキングされている。一部の実施形態では、システムのｍＲＮＡ成分（又はＤＮＡ成分から産生された転写物）の５’ＵＴＲは、配列５’－ＧＧＧＡＡＡＵＡＡＧＡＧＡＧＡＡＡＡＧＡＡＧＡＧＵＡＡＧＡＡＧＡＡＡＵＡＵＡＡＧＡＧＣＣＡＣＣ－３’；配列番号１１，００８）を含む。一部の実施形態では、システムのｍＲＮＡ成分（又はＤＮＡ成分から産生された転写物）の３’ＵＴＲは、配列５’－ＵＧＡＵＡＡＵＡＧＧＣＵＧＧＡＧＣＣＵＣＧＧＵＧＧＣＣＡＵＧＣＵＵＣＵＵＧＣＣＣＣＵＵＧＧＧＣＣＵＣＣＣＣＣＣＡＧＣＣＣＣＵＣＣＵＣＣＣＣＵＵＣＣＵＧＣＡＣＣＣＧＵＡＣＣＣＣＣＧＵＧＧＵＣＵＵＵＧＡＡＵＡＡＡＧＵＣＵＧＡ－３’（配列番号１１，００９）を含む。５’ＵＴＲ及び３’ＵＴＲのこの組合せは、Ｒｉｃｈｎｅｒ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ １６８（６）：Ｐ１１１４－１１２５（２０１７）（その教示内容及び配列は、参照により本明細書に組み込まれる）により、作動可能に連結したＯＲＦの所望の発現をもたらすことが明らかにされている。一部の実施形態では、本明細書に記載のシステムは、転写物をコードするＤＮＡを含み、この場合、上記ＤＮＡは、上に挙げた配列中のＵをＴで置換した、対応する５’ＵＴＲ及び３’ＵＴＲを含む。一部の実施形態では、システムのＲＮＡ成分を生産するために用いられるＤＮＡベクターは、インビトロ転写を開始するために、５’ＵＴＲの上流にプロモータ、例えば、Ｔ７、Ｔ３、又はＳＰ６プロモータを含む。上記の５’ＵＴＲは、ＧＧＧで開始するが、これは、Ｔ７ ＲＮＡポリメラーゼを用いた転写を最適化するのに好適な開始である。代替５’ＵＴＲに適合するように、転写レベルを調整し、且つ転写開始部位ヌクレオチドを改変するために、Ｄａｖｉｄｓｏｎ ｅｔ ａｌ．Ｐａｃ Ｓｙｍｐ Ｂｉｏｃｏｍｐｕｔ ４３３－４４３（２０１０）の教示には、これらの特性の両方を満たすＴ７プロモータ変異体、及びそれを見出す方法が記載されている。

【１１００】

ウイルスベクター及びその成分

ウイルスは、例えば、本明細書で使用されるポリメラーゼ及びポリメラーゼ機能、例えば、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ、ＲＮＡ依存性ＲＮＡポリメラーゼ、ＲＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ、ＤＮＡ依存性ＲＮＡポリメラーゼ、逆転写酵素の供給源として、本明細書に記載の関連酵素又はドメインの供給源に加え、本明細書に記載のシステムのための送達ビヒクルの有用な供給源である。一部の酵素、例えば、逆転写酵素は、複数の活性を有する可能性があり、例えば、ＲＮＡ依存性ＤＮＡ重合及びＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合の両方（例えば、第１及び第２の鎖合成）が可能であり得る。一部の実施形態では、遺伝子組換え送達システム又はその成分の供給源として使用されるウイルスは、Ｂａｌｔｉｍｏｒｅ Ｂａｃｔｅｒｉｏｌ Ｒｅｖ ３５（３）：２３５－２４１（１９７１）により記載される一群から選択され得る。

【１１０１】

一部の実施形態では、ウイルスは、Ｉ群ウイルスから選択され、例えば、ＤＮＡウイルスであり、ｄｓＤＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、Ｉ群ウイルスは、例えば、アデノウイルス（Ａｄｅｎｏｖｉｒｕｓ）、ヘルペスウイルス（Ｈｅｒｐｅｓｖｉｒｕｓ）、ポックスウイルス（Ｐｏｘｖｉｒｕｓ）から選択される。

【１１０２】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＩＩ群ウイルスから選択され、例えば、ＤＮＡウイルスであり、ｓｓＤＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＩ群ウイルスは、例えば、パルボウイルス（Ｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、パルボウイルス（ｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）は、ディペンドパルボウイルス属（ｄｅｐｅｎｄｏｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）、例えば、アデノ随伴ウイルス（ａｄｅｎｏ－ａｓｓｏｃｉａｔｅｄ ｖｉｒｕｓ）（ＡＡＶ）である。

【１１０３】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＩＩＩ群ウイルスから選択され、例えば、ＲＮＡウイルスであり、ｄｓＲＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＩ

Ｉ群ウイルスは、例えば、レオウイルス（Ｒｅｏｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｄｓＲＮＡの一方又は両方の鎖は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。

【１１０４】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＩＶ群ウイルスから選択され、例えば、ＲＮＡウイルスであり、ｓｓＲＮＡ（＋）をビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＶ群ウイルスは、例えば、コロナウイルス（Ｃｏｒｏｎａｖｉｒｕｓ）、ピコルナウイルス（Ｐｉｃｏｒｎａｖｉｒｕｓ）、トガウイルス（Ｔｏｇａｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｓｓＲＮＡ（＋）は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。

【１１０５】

一部の実施形態では、ウイルスは、Ｖ群ウイルスから選択され、例えば、ＲＮＡウイルスであり、ｓｓＲＮＡ（－）をビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＶ群ウイルスは、例えば、オルトミクソウイルス（Ｏｒｔｈｏｍｙｘｏｖｉｒｕｓｅｓ）、ラブドウイルス（Ｒｈａｂｄｏｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、ｓｓＲＮＡ（－）ゲノムを有するＲＮＡウイルスは、ビリオン内部に、ウイルスゲノムと一緒に宿主細胞に形質導入される酵素（例えば、ＲＮＡ依存性ＲＮＡポリメラーゼ）も担持しており、これは、ｓｓＲＮＡ（－）を、宿主によって直接翻訳され得るｓｓＲＮＡ（＋）にコピーすることができる。

【１１０６】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＶＩ群ウイルスから選択され、例えば、レトロウイルス（ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）であり、ｓｓＲＮＡ（＋）をビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＶＩ群ウイルスは、例えば、レトロウイルスから選択される。一部の実施形態では、レトロウイルス（ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）は、レンチウイルス（ｌｅｎｔｉｖｉｒｕｓ）、例えば、ＨＩＶ－１、ＨＩＶ－２、ＳＩＶ、ＢＩＶである。一部の実施形態では、レトロウイルスは、スプマウイルス（ｓｐｕｍａｖｉｒｕｓ）、例えば、フォーミーウイルス（ｆｏａｍｙ　ｖｉｒｕｓ）、例えば、ＨＦＶ、ＳＦＶ、ＢＦＶである。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｓｓＲＮＡ（＋）は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。一部の実施形態では、ｓｓＲＮＡ（＋）は、まず逆転写され、コピーされて、ｄｓＤＮＡゲノム中間体を生成し、そこからｍＲＮＡが宿主に転写され得る。一部の実施形態では、ｓｓＲＮＡ（＋）ゲノムを有するＲＮＡウイルスは、ビリオン内部に、ウイルスゲノムと一緒に宿主細胞に形質導入される酵素（例えば、ＲＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ）も担持しており、これは、ｓｓＲＮＡ（＋）をｄｓＤＮＡにコピーすることができ、このｄｓＤＮＡは、宿主によりｍＲＮＡに転写されて、翻訳され得る。一部の実施形態では、ＶＩ群レトロウイルス由来の逆転写酵素は、遺伝子組換えポリペプチドの逆転写酵素ドメインとして組み込まれる。

【１１０７】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＶＩＩ群ウイルスから選択され、例えば、レトロウイルス（ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）であり、ｄｓＲＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＶＩＩ群ウイルスは、例えば、ヘパドナウイルス（Ｈｅｐａｄｎａｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｄｓＲＮＡの一方又は両方の鎖は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。一部の実施形態では、こう

したビリオンに含有されるｄｓＲＮＡの一方又は両方の鎖は、まず逆転写され、コピーされて、ｄｓＤＮＡゲノム中間体を生成し、そこからｍＲＮＡが宿主に転写され得る。一部の実施形態では、ｄｓＲＮＡゲノムを有するＲＮＡウイルスは、ビリオン内部に、ウイルスゲノムと一緒に宿主細胞に形質導入される酵素（例えば、ＲＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ）も担持しており、これは、ｄｓＲＮＡをｄｓＤＮＡにコピーすることができ、このｄｓＤＮＡは、宿主によりｍＲＮＡに転写されて、翻訳され得る。一部の実施形態では、ＶＩＩ群レトロウイルス由来の逆転写酵素は、遺伝子組換えポリペプチドの逆転写酵素ドメインとして組み込まれる。

【１１０８】

一部の実施形態では、本発明で核酸を送達するために用いられるビリオンは、遺伝子組換えのプロセスに関与する酵素も担持し得る。例えば、レトロウイルスビリオンは、核酸と一緒に宿主細胞に送達される逆転写酵素ドメインを含有し得る。一部の実施形態では、ＲＮＡ鋳型は、ビリオン内の遺伝子組換えポリペプチドを随伴し得、それにより、両方が、ウイルス粒子からの核酸の形質導入時に標的細胞に同時送達される。一部の実施形態では、ビリオン内の核酸は、ＤＮＡ、例えば、線状ｓｓＤＮＡ、線状ｄｓＤＮＡ、環状ｓｓＤＮＡ、環状ｄｓＤＮＡ、ミニサークルＤＮＡ、ｄｂＤＮＡ、ｃｅＤＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ビリオン内の核酸は、ＲＮＡ、例えば、線状ｓｓＲＮＡ、線状ｄｓＲＮＡ、環状ｓｓＲＮＡ、環状ｄｓＲＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、宿主細胞への形質導入時に環状化され得、例えば、線状ｓｓＲＮＡ分子は、共有結合を経て、環状ｓｓＲＮＡを形成することができ、線状ｄｓＲＮＡ分子は、共有結合を経て、環状ｄｓＲＮＡ又は１つ若しくは複数の環状ｓｓＲＮＡを形成し得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、宿主細胞内でのローリングサークル複製により複製し得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、単一核酸分子を含み得、例えば非セグメント化ゲノムを含み得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、２つ以上の核酸分子を含み得、例えばセグメント化ゲノムを含み得る。一部の実施形態では、ビリオン内の核酸は１つ若しくは複数のタンパク質を随伴し得る。一部の実施形態では、ビリオン内の１つ又は複数のタンパク質を、形質導入時に宿主細胞に送達することができる。一部の実施形態では、標的核酸に対するビリオンパッケージングシグナルの付加により、天然ウイルスを核酸の送達のために改変し得、その場合、宿主細胞を用いて、パッケージングシグナルを含有する標的核酸をパッケージングする。

【１１０９】

一部の実施形態では、送達ビヒクルとして用いられるビリオンは、片利ヒトウイルスを含み得る。一部の実施形態では、送達ビヒクルとして用いられるビリオンは、アネロウイルス（ａｎｅｌｌｏｖｉｒｕｓ）を含み得、その使用は、国際公開第２０１８２３２０１７Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１１１０】

ＡＡＶ投与

一部の実施形態では、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）が、本明細書に記載されるシステム、鋳型核酸、及び／又はポリペプチドと一緒に使用される。一部の実施形態では、ＡＡＶは、本明細書に記載のシステム、鋳型核酸、及び／又はポリペプチドを送達、投与、又はパッケージングするために使用される。一部の実施形態では、ＡＡＶは組換えＡＡＶ（ｒＡＡＶ）である。

【１１１１】

一部の実施形態では、システムは、（ａ）本明細書に記載のポリペプチド又はそれをコードする核酸、（ｂ）本明細書に記載の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）、及び（ｃ）標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列を含み、ここで、標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）と機能的に関連しており、（ａ）と関連する場合、（ａ）はポリペプチドをコードする核酸を含む。

【１１１２】
一部の実施形態では、本明細書に記載のシステムは、第１組換えアデノ随伴ウイルス（ｒＡＡＶ）カプシドタンパク質を更に含み、ここで、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、ＡＡＶ逆位末端リピート（ＩＴＲ）が隣接している。
【１１１３】
一部の実施形態では、（ａ）及び（ｂ）は、第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合している。
【１１１４】
一部の実施形態では、（ａ）及び（ｂ）は単一核酸上にある。
【１１１５】
一部の実施形態では、システムは、第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質を更に含み、ここで、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し、第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合する（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合する（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つと異なる。
【１１１６】
一部の実施形態では、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第１又は第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し、第１又は第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質の内部に分散しており、ここで、第１又は第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質は、ＡＡＶカプシド粒子の形態である。
【１１１７】
一部の実施形態では、システムはナノ粒子を更に含み、ナノ粒子は（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つと会合している。
【１１１８】
一部の実施形態では、（ａ）及び（ｂ）は、それぞれａ）第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質及び第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質；ｂ）ナノ粒子及び第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質；ｃ）第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質；ｄ）第１アデノウイルスカプシドタンパク質；ｅ）第１ナノ粒子及び第２ナノ粒子；又はｆ）第１ナノ粒子と会合している。
【１１１９】
ウイルスベクターは、本発明によって提供されるシステムの全部又は一部を送達するために、例えば、本発明によって提供される方法における使用のために有用である。ポリペプチド又は核酸の送達には、異なるウイルスに由来するシステムが採用されており、例えば、インテグラーゼ欠損レンチウイルス、アデノウイルス、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）、単純ヘルペスウイルス、バキュロウイルス（Ｈｏｄｇｅ ｅｔ ａｌ．Ｈｕｍ Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ ２０１７；Ｎａｒａｙａｎａｖａｒｉ ｅｔ ａｌ．Ｃｒｉｔ Ｒｅｖ Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ ２０１７；Ｂｏｅｈｍｅ ｅｔ ａｌ．Ｃｕｒｒ Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ ２０１５で論評される）である。
【１１２０】
アデノウイルスは、明確に定義された生物学、遺伝的安定性、高い形質導入効率、及び大規模生産の容易さを考慮して、遺伝子送達ビヒクルとして使用されてきた一般的なウイルスである（例えば、Ｌｅｅ ｅｔ ａｌ．Ｇｅｎｅｓ ＆ Ｄｉｓｅａｓｅｓ ２０１７による論評を参照）。それらは線状ｄｓＤＮＡゲノムを有し、組織と細胞の向性が異なる様々な血清型がある。レシピエント細胞での感染性ウイルスの複製を防ぐために、パッケージングに使用されるアデノウイルスゲノムは、ウイルス産生細胞にトランスで提供される内因性ウイルスタンパク質の一部又は全てが欠失している。これにより、ゲノムはヘルパー依存性となる。つまり、ゲノムは、いわゆるヘルパー機能によって提供される欠損成分の存在下でのみ複製され、ウイルス粒子にパッケージングされる。全てのウイルスＯＲＦが除去されたヘルパー依存性アデノウイルスシステムは、最大３７ｋｂの外来ＤＮＡのパッケージングと適合性であり得る（Ｐａｒｋｓ ｅｔ ａｌ．Ｊ Ｖｉｒｏｌ １９９７）。一部の実施形態では、アデノウイルスベクターは、遺伝子組換えシステムのポリ

ペプチド又は鋳型成分に対応するＤＮＡを送達するために使用されるか、又は両方が別々の若しくは同じアデノウイルスベクターに含まれる。一部の実施形態では、アデノウイルスは、自己パッケージングができないヘルパー依存性アデノウイルス（ＨＤ－ＡｄＶ）である。一部の実施形態では、アデノウイルスは、アデノウイルス粒子へのパッケージングに必要な配列成分を保持しながら、内因性ウイルスＯＲＦの全て又は実質的な部分が欠失した高容量アデノウイルス（ＨＣ－ＡｄＶ）である。このベクター型の場合、ゲノムパッケージングに必要な唯一のアデノウイルス配列は、非コード配列：両端の逆位末端リピート（ＩＴＲ）及び５’末端のパッケージングシグナルである（Ｊａｇｅｒ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔ　Ｐｒｏｔｏｃ　２００９）。一部の実施形態では、アデノウイルスゲノムは、最適な産生及び安定性のための最小ゲノムサイズを満たすスタッファーＤＮＡも含む（例えば、Ｈａｕｓｌ　ｅｔ　ａｌ．Ｍｏｌ　Ｔｈｅｒ　２０１０を参照）。一部の実施形態では、アデノウイルスを使用して、遺伝子組換えシステムを肝臓に送達する。

【１１２１】

一部の実施形態では、アデノウイルスを使用して、遺伝子組換えシステムをＨＳＣ、例えば、ＨＤＡｄ５／３５＋＋に送達する。ＨＤＡｄ５／３５＋＋は、肝臓からベクターの標的を外す、血清型３５線維が改変されたアデノウイルスである（Ｗａｎｇ　ｅｔ　ａｌ．Ｂｌｏｏｄ　Ａｄｖ　２０１９）。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムをＨＳＣに送達するアデノウイルスは、原始ＨＳＣ上で特異的に発現される受容体、例えばＣＤ４６を利用する。

【１１２２】

アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）はパルボウイルス（ｐａｒｖｏｖｉｒｉｄａｅ）科に属し、より具体的にはディペンドパルボウイルス（ｄｅｐｅｎｄｏｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）属を構成する。ＡＡＶゲノムは、約４．７キロベース（ｋｂ）を含む線状一本鎖ＤＮＡ分子で構成され、非構造Ｒｅｐ（複製）及び構造Ｃａｐ（カプシド）タンパク質をコードする２つの主要なオープンリーディングフレーム（ＯＲＦ）で構成される。アセンブリー活性化タンパク質（ＡＡＰ）をコードするキャップ遺伝子内の第２ＯＲＦが同定された。ＡＡＶコード領域に隣接するＤＮＡは、長さが約１４５ヌクレオチドの２つのシス作用性逆位末端リピート（ＩＴＲ）配列であり、ＤＮＡ複製のプライマーとして機能するエネルギー的に安定したヘアピン構造に折りたたむことができる中断されたパリンドローム配列を有する。ＤＮＡ複製におけるその役割に加え、ＩＴＲ配列は、ウイルスＤＮＡの細胞ゲノムへの組込み、宿主ゲノム又はプラスミドからのレスキュー、及びウイルス核酸の成熟ビリオンへのカプシド形成に関与することが示されている（Ｍｕｚｙｃｚｋａ，（１９９２）Ｃｕｒｒ．Ｔｏｐ．Ｍｉｃｒｏ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１５８：９７－１２９）。一部の実施形態では、１つ又は複数の遺伝子組換え核酸成分は、ウイルスパッケージングのためにＡＡＶに由来するＩＴＲが隣接する。例えば、国際公開第２０１９１１３３１０号パンフレットを参照されたい。

【１１２３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムの１つ又は複数の成分が、少なくとも１つのＡＡＶベクターを介して輸送される。一部の実施形態では、少なくとも１つのＡＡＶベクターは、特定の細胞、組織、生物に対する向性について選択される。一部の実施形態では、ＡＡＶベクターはシュードタイプ化され（例えば、ＡＡＶ２／８）、ここで、ＡＡＶ２は構築物の設計を表すが、カプシドタンパク質はＡＡＶ８由来のものに置換される。記載されるベクターはいずれも、ＡＡＶゲノムをパッケージングするために使用されるカプシドタンパク質が異なるＡＡＶ血清型のものに由来するシュードタイプ誘導体であり得ることが理解される。ベクターの選択において制限されることを意図しないが、例示的なＡＡＶ血清型のリストは、表１８に見出すことができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えに使用されるＡＡＶは、文献（例えば、Ｄａｖｉｄｓｓｏｎ　ｅｔ　ａｌ．Ｐｒｏｃ　Ｎａｔｌ　Ａｃａｄ　Ｓｃｉ　Ｕ　Ｓ　Ａ　２０１９）で示されているように、新規細胞又は組織の向性について進化し得る。

【１１２４】

一部の実施形態では、ＡＡＶ送達ベクターは、２つのＡＡＶ逆位末端リピート（ＩＴＲ）及び目的のヌクレオチド配列（例えば、遺伝子組換えポリペプチド若しくはＤＮＡ鋳型又はその両方をコードする配列）を有するベクターであり、前記ＩＴＲはそれぞれ中断された（又は不連続な）パリンドローム配列、すなわち、３つのセグメント：５’→３’で読むと同一であるが、互いに反対に配置するとハイブリダイズする、最初のセグメント及び最後のセグメント並びに同一のセグメントを分離する異なるセグメントから構成される配列を有する。例えば、国際公開第２０１２１２３４３０号パンフレットを参照されたい。

【１１２５】

従来、カプシドを有するＡＡＶビリオンは、ｒＡＡＶ又はｓｃＡＡＶゲノム、Ｒｅｐタンパク質、及びＣａｐタンパク質をコードする１つ又は複数のプラスミドを導入することによって産生される（Ｇｒｉｍｍ　ｅｔ　ａｌ，１９９８）。これらのヘルパープラスミドがトランスで導入されると、ＡＡＶゲノムは宿主ゲノムから「レスキュー」され（すなわち、放出され、その後回復される）、更にカプシド化されて感染性ＡＡＶが産生される。一部の実施形態では、１つ又は複数の遺伝子組換え核酸は、ＩＴＲ隣接核酸をヘルパー機能と一緒にパッケージング細胞に導入することにより、ＡＡＶ粒子にパッケージングされる。

【１１２６】

一部の実施形態では、ＡＡＶゲノムは、ＩＴＲ間に位置する配列が、所望の核酸配列の逆相補体に加えて、所望の核酸配列（例えば、遺伝子組換えポリペプチド又は鋳型をコードするＤＮＡ、又はその両方）の両方を含み、これら２つの成分が折り畳まれて自己ハイブリダイズできるようにするように、いわゆる自己相補性ゲノム（ｓｃＡＡＶと呼ばれる）である。一部の実施形態では、自己相補性モジュールは、ＤＮＡがそれ自体に折り畳まれる（例えば、ステムループを形成する）ことを可能にする介在配列によって分離される。ｓｃＡＡＶには、最初にＩＴＲプライミングと第２の鎖合成に依存してｄｓＤＮＡを形成するのではなく、核に入ると転写の準備ができているという利点がある。一部の実施形態では、１つ又は複数の遺伝子組換え成分がｓｃＡＡＶとして設計され、ここで、ＡＡＶＩＴＲ間の配列は、自己ハイブリダイズしてｄｓＤＮＡを生成することができる２つの逆相補モジュールを含む。

【１１２７】

一部の実施形態では、細胞に送達される核酸（例えば、ポリペプチド、又は鋳型、又はその両方をコードする）は、閉鎖型線状デュープレックスＤＮＡ（ＣＥＬｉＤ　ＤＮＡ又はｃｅＤＮＡ）である。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡは、ＡＡＶゲノムの複製形態に由来する（Ｌｉ　ｅｔ　ａｌ．ＰＬｏＳ　Ｏｎｅ　２０１３）。一部の実施形態では、核酸（例えば、ポリペプチド若しくは鋳型ＤＮＡ、又はその両方をコードする）は、ＩＴＲ、例えば、ＡＡＶ　ＩＴＲによって隣接され、ここで、ＩＴＲの少なくとも１つは、末端分解部位及び複製タンパク質結合部位（複製タンパク質結合部位と呼ばれることもある）を含む。一部の実施形態では、ＩＴＲは、アデノ随伴ウイルス、例えば、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ３、ＡＡＶ４、ＡＡＶ５、ＡＡＶ６、ＡＡＶ７、ＡＡＶ８、ＡＡＶ９、ＡＡＶ１０、ＡＡＶ１１、ＡＡＶ１２、又はそれらの組み合わせに由来する。一部の実施形態では、ＩＴＲは対称的である。一部の実施形態では、ＩＴＲは非対称的である。一部の実施形態では、構築物の複製を可能にするために、少なくとも１つのＲｅｐタンパク質が提供される。一部の実施形態では、少なくとも１つのＲｅｐタンパク質は、アデノ随伴ウイルス、例えば、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ３、ＡＡＶ４、ＡＡＶ５、ＡＡＶ６、ＡＡＶ７、ＡＡＶ８、ＡＡＶ９、ＡＡＶ１０、ＡＡＶ１１、ＡＡＶ１２、又はそれらの組み合わせに由来する。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡは、産生細胞に、（ｉ）ＩＴＲ、例えば、ＡＡＶ　ＩＴＲが隣接するＤＮＡ、及び（ｉｉ）ＩＴＲ依存性複製に必要な成分、例えばＡＡＶタンパク質Ｒｅｐ７８及びＲｅｐ５２（又はタンパク質をコードする核酸）を提供することによって生成される。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡは、カプシドタンパク質を含まず、例えば、感染性ＡＡＶ粒子にパッケージングされていない。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡはＬＮＰに製剤化される（例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ

１号パンフレットを参照）。
【１１２８】
一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡベクターは、２つの自己相補的配列、例えば、本明細書で定義される非対称又は対称又は実質的に対称なＩＴＲからなり、前記発現カセットに隣接し、ここで、ｃｅＤＮＡベクターはカプシドタンパク質と会合していない。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡベクターは、ＡＡＶゲノムに見出される２つの自己相補性配列を含み、ここで、少なくとも１つのＩＴＲは、作動可能なＲｅｐ結合エレメント（ＲＢＥ）（本明細書では「ＲＢＳ」とも呼ばれることもある）及びＡＡＶ又はＲＢＥの機能的バリアントの末端分解部位（ｔｒｓ）を含む。例えば、国際公開第２０１９１１３３１０号パンフレットを参照されたい。
【１１２９】
一部の実施形態では、ＡＡＶゲノムは、４つの複製タンパク質及び３つのカプシドタンパク質をそれぞれコードする２つの遺伝子を含む。一部の実施形態では、これらの遺伝子は、１４５ｂｐ逆位末端配列（ＩＴＲ）により両側がフランキングされている。一部の実施形態では、ビリオンは、例えば、１：１：１０の比で産生される、最大３つのカプシドタンパク質（Ｖｐ１、Ｖｐ２、及び／又はＶｐ３）を含む。一部の実施形態では、カプシドタンパク質は、同じオープンリーディングフレーム及び／又は異なるスプライシング（Ｖｐ１）並びに別の翻訳開始部位（それぞれＶｐ２及びＶｐ３）から産生される。一般に、Ｖｐ３は、ビリオン中で最も豊富なサブユニットであり、細胞表面での受容体認識に参加して、ウイルスの屈性を定める。一部の実施形態では、Ｖｐ１は、例えばＶｐ１のＮ末端において、ウイルスの感染力において機能するホスホリパーゼドメインを含む。
【１１３０】
一部の実施形態では、ウイルスベクターのパッケージング能力は、ベクターにパッケージングされ得る遺伝子組換えシステムのサイズを制限する。例えば、ＡＡＶのパッケージング能力は、例えば、１つ又は２つの逆位末端配列（ＩＴＲ）、例えば、１４５塩基ＩＴＲを含め、約４．５ｋｂ（例えば、約３．０、３．５、４．０、４．５、５．０、５．５若しくは６．０ｋｂ）であり得る。
【１１３１】
一部の実施形態では、組換えＡＡＶ（ｒＡＡＶ）は、ベクター導入遺伝子カセットをフランキングするシス作用性１４５ｂｐ　ＩＴＲを含み、例えば、外来ＤＮＡのパッケージングのために最大４．５ｋｂを提供する。感染の後、ｒＡＡＶは、いくつかの事例において、本発明の融合タンパク質を発現し、円形の頭－尾コンカテマー内にエピソームとして存在することにより、宿主ゲノムに組み込まれることなく存続する。ｒＡＡＶは、例えば、インビトロ及びインビボで使用することができる。一部の実施形態では、ＡＡＶ媒介遺伝子送達のためには、遺伝子のコーディング配列の長さが野生型ＡＡＶゲノムと等しいか、又はそれ以上である必要がある。
【１１３２】
上記サイズを超える遺伝子のＡＡＶ送達及び／又は大きい生理学的調節エレメントの使用は、例えば、送達しようとするタンパク質を２つ以上の断片に分割することにより、達成することができる。一部の実施形態では、Ｎ－末端断片をインテイン－Ｎ配列と融合させる。一部の実施形態では、Ｃ－末端断片をインテイン－Ｃ配列と融合させる。複数の実施形態では、上記断片を２つ以上のＡＡＶベクターにパッケージングする。
【１１３３】
一部の実施形態では、大きい導入遺伝子発現カセットを２つの個別の半分（５’及び３’末端、又は頭及び尾）に分割することにより、デュアルＡＡＶベクターを作製し、例えば、カセットの各半分を単一のＡＡＶベクター（＜５ｋｂ）にパッケージングする。次に、一部の実施形態では、両方のデュアルＡＡＶベクターによる同じ細胞の同時感染時に、完全長導入遺伝子発現カセットの再アセンブリーを達成することができる。一部の実施形態では、同時感染の後に、以下：（１）５’及び３’ゲノム同士の相同組換え（ＨＲ）（デュアルＡＡＶ重複ベクター）；（２）ＩＴＲ媒介による５’及び３’ゲノムの尾－頭コンカテ

マー化（デュアルＡＡＶトランス－スプライシングベクター）；及び／又は（３）これら２つの機構の組合せ（デュアルＡＡＶハイブリッドベクター）の１つ若しくは複数が続く。一部の実施形態では、インビボでのデュアルＡＡＶベクターの使用により、完全長タンパク質の発現が達成される。一部の実施形態では、デュアルＡＡＶベクタープラットフォームの使用は、サイズが約４．０、４．１、４．２、４．３、４．４、４．５、４．６、４．７、４．８、４．９、又は５．０ｋｂ超の導入遺伝子のための効率的且つ実行可能な遺伝子移入戦略を表している。一部の実施形態では、ＡＡＶベクターは、例えば、核酸及びペプチドのインビトロ生産において、標的核酸で細胞を形質導入するために使用することもできる。一部の実施形態では、ＡＡＶベクターは、インビボ及びエクスビボ遺伝子療法手順に使用することができる（例えば、Ｗｅｓｔ　ｅｔ　ａｌ．，Ｖｉｒｏｌｏｇｙ　１６０：３８－４７（１９８７）；米国特許第４，７９７，３６８号明細書；国際公開第９３／２４６４１号パンフレット；Ｋｏｔｉｎ，Ｈｕｍａｎ　Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒａｐｙ　５：７９３－８０１（１９９４）；Ｍｕｚｙｃｚｋａ，Ｊ．Ｃｌｉｎ．Ｉｎｖｅｓｔ．９４：１３５１（１９９４）を参照されたい；尚、これらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。組換えＡＡＶベクターの構築については、いくつかの刊行物に記載されており、そうしたものとして、米国特許第５，１７３，４１４号明細書；Ｔｒａｔｓｃｈｉｎ　ｅｔ　ａｌ．，Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．５：３２５１－３２６０（１９８５）；Ｔｒａｔｓｃｈｉｎ，ｅｔ　ａｌ．，Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．４：２０７２－２０８１（１９８４）；Ｈｅｒｍｏｎａｔ　＆　Ｍｕｚｙｃｚｋａ，ＰＮＡＳ　８１：６４６６－６４７０（１９８４）；及びＳａｍｕｌｓｋｉ　ｅｔ　ａｌ．，Ｊ．Ｖｉｒｏｌ．６３：０３８２２－３８２８（１９８９）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）が挙げられる。

【１１３４】

一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチド（例えば、１つ若しくは複数のガイド核酸を含む、又は含まない）は、ＡＡＶ、レンチウイルス、アデノウイルス、又は他のプラスミド若しくはウイルスベクタータイプを用いて送達することができ、とりわけ、例えば、米国特許第８，４５４，９７２号明細書（アデノウイルス用の製剤、用量）、米国特許第８，４０４，６５８号明細書（ＡＡＶ用の製剤、用量）、及び米国特許第５，８４６，９４６号明細書（ＤＮＡプラスミド用の製剤、用量）並びにレンチウイルス、ＡＡＶ及びアデノウイルスに関係する臨床試験及びそうした臨床試験に関する刊行物から得られる製剤及び用量を用いて、送達することができる。例えば、ＡＡＶの場合、投与経路、製剤及び用量は、米国特許第８，４５４，９７２号明細書に記載される通り、及びＡＡＶに関係する臨床試験に記載の通りであり得る。アデノウイルスの場合、投与経路、製剤及び用量は、米国特許第８，４０４，６５８号明細書に記載される通り、及びアデノウイルスに関係する臨床試験に記載の通りであり得る。プラスミド送達の場合、投与経路、製剤及び用量は、米国特許第５，８４６，９４６号明細書に記載される通り、及びプラスミドに関係する臨床試験に記載の通りであり得る。用量は、平均７０ｋｇの個体（例えば、成人男性）を基準とするか又はそれに外挿され得、異なる体重及び種の患者、対象、哺乳動物について調節することができる。投与頻度は、患者又は対象の年齢、性別、健康全般、他の状態を含む通常の要因並びに対処しようとする具体的な病状又は症状に応じて、医学又は獣医療専門家（例えば、医師、獣医師）の範囲内である。一部の実施形態では、ウイルスベクターを目的の組織に注射することができる。細胞型特異的遺伝子組換えの場合、遺伝子組換えポリペプチド及び任意選択のガイド核酸の発現は、一部の実施形態では、細胞型特異的プロモータによって駆動することができる。

【１１３５】

一部の実施形態では、ＡＡＶは、免疫応答を活性化し得る細胞粒子の超遠心分離を必要としない精製方法のために、低毒性を可能にする。一部の実施形態では、ＡＡＶは、例えば、それが実質的に宿主ゲノムに組み込まれないことから、挿入突然変異誘発を引き起こす低い可能性を可能にする。

【１１３６】

一部の実施形態では、ＡＡＶは、約４．４、４．５、４．６、４．７、又は４．７５ｋｂのパッケージング限度を有する。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドコード化配列、プロモータ、及び転写終結因子は、単一のウイルスベクターに適合し得る。ＳｐＣａｓ９（４．１ｋｂ）は、いくつかの事例では、ＡＡＶにパッケージングするのが困難であり得る。従って、一部の実施形態では、他の遺伝子組換えポリペプチドコード配列又は塩基編集因子より長さが短い遺伝子組換えポリペプチドコード配列が使用される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドコード化配列は、約４．５ｋｂ、４．４ｋｂ、４．３ｋｂ、４．２ｋｂ、４．１ｋｂ、４ｋｂ、３．９ｋｂ、３．８ｋｂ、３．７ｋｂ、３．６ｋｂ、３．５ｋｂ、３．４ｋｂ、３．３ｋｂ、３．２ｋｂ、３．１ｋｂ、３ｋｂ、２．９ｋｂ、２．８ｋｂ、２．７ｋｂ、２．６ｋｂ、２．５ｋｂ、２ｋｂ、又は１．５ｋｂ未満である。

【１１３７】

ＡＡＶは、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ５又はそれらの任意の組合せであり得る。一部の実施形態では、ＡＡＶの種類は、ターゲティングしようとする細胞に関して選択され；例えば、脳又はニューロン細胞をターゲティングするためには、ＡＡＶ血清型１、２、５若しくはハイブリッドカプシドＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ５又はそれらの任意の組合せを選択することができるか；又は心臓組織をターゲティングするためにＡＡＶ４を選択することができる。一部の実施形態では、肝臓への送達のために、ＡＡＶ８を選択する。これらの細胞に関する例示的なＡＡＶ血清型は、例えば、Ｇｒｉｍｍ，Ｄ．ｅｔ　ａｌ，Ｊ．Ｖｉｒｏｌ．８２：５８８７－５９１１（２００８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。一部の実施形態では、ＡＡＶは、あらゆる血清型、サブタイプ、及び天然に存在するＡＡＶ並びに組換えＡＡＶを指す。ＡＡＶが用いられるとき、ウイルス自体又はその誘導体を指す場合もある。一部の実施形態では、ＡＡＶとして、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ３、ＡＡＶ３Ｂ、ＡＡＶ４、ＡＡＶ５、ＡＡＶ６、ＡＡＶ６．２、ＡＡＶ７、ＡＡＶｒｈ．６４Ｒｌ、ＡＡＶｈｕ．３７、ＡＡＶｒｈ．８、ＡＡＶｒｈ．３２．３３、ＡＡＶ８、ＡＡＶ９、ＡＡＶ－ＤＪ、ＡＡＶ２／８、ＡＡＶｒｈＬＯ、ＡＡＶＬＫ０３、ＡＶ１０、ＡＡＶ１１、ＡＡＶ　１２、ｒｈＬＯ、及びそれらのハイブリッド、トリＡＡＶ、ウシＡＡＶ、イヌＡＡＶ、ウマＡＡＶ、霊長類ＡＡＶ、非霊長類ＡＡＶ、及びヒツジＡＡＶが挙げられる。ＡＡＶの様々な血清型のゲノム配列並びにネイティブ末端反復（ＴＲ）、Ｒｅｐタンパク質及びカプシドサブユニットの配列は、当技術分野で公知である。こうした配列は、文献又はＧｅｎＢａｎｋなどの公式データベースで見出すことができる。別の例示的なＡＡＶ血清型を表１８に挙げる。

【１１３８】

【表１８】

**表 18. 例示的な AAV 血清型。**

| 標的組織 | ビヒクル | 参照文献 |
|---|---|---|
| 肝臓 | AAV (AAV8[1], AAVrh.8[1], AAVhu.37[1], AAV2/8, AAV2/rh10[2], AAV9, AAV2, NP40[3], NP59[2,3], AAV3B[5], AAV-DJ[4], AAV-LK01[4], AAV-LK02[4], AAV-LK03[4], AAV-LK19[4], AAV5[7]<br>アデノウイルス (Ad5, HC-AdV[6]) | 1. Wang *et al.*, *Mol. Ther.* **18**, 118-25 (2010)<br>2. Ginn *et al.*, *JHEP Reports*, 100065 (2019)<br>3. Paulk *et al.*, *Mol. Ther.* **26**, 289-303 (2018).<br>4. L. Lisowski *et al.*, *Nature*. **506**, 382-6 (2014).<br>5. L. Wang *et al.*, *Mol. Ther.* **23**, 1877-87 (2015).<br>6. Hausl *Mol Ther* (2010)<br>7. Davidoff *et al.*, *Mol. Ther.* 11, 875-88 (2005) |
| 肺 | AAV (AAV4, AAV5, AAV6[1], AAV9, H22[2])<br>アデノウイルス (Ad5, Ad3, Ad21, Ad14)[3] | 1. Duncan *et al.*, *Mol Ther Methods Clin Dev* (2018)<br>2. Cooney *et al.*, Am J Respir Cell Mol Biol (2019)<br>3. Li *et al.*, *Mol Ther Methods Clin Dev* (2019) |
| 皮膚 | AAV (AAV6[1], AAV-LK19[2]) | 1. Petek et al., *Mol. Ther.* (2010)<br>2. L. Lisowski *et al.*, *Nature*. **506**, 382-6 (2014). |
| HSC | アデノウイルス (HDAd5/35$^{++}$) | Wang et al. *Blood Adv* (2019) |

【１１３９】

一部の実施形態では、医薬組成物（例えば、本明細書に記載のＡＡＶを含む）は、１０％未満の空のカプシド、８％未満の空のカプシド、７％未満の空のカプシド、５％未満の空のカプシド、３％未満の空のカプシド、又は１％未満の空のカプシドを有する。一部の実施形態では、医薬組成物は、約５％未満の空のカプシドを有する。一部の実施形態では、空のカプシドの数は、検出限界未満である。一部の実施形態では、例えば、空のカプシドは、有害な反応（例えば、免疫応答、炎症性応答、肝臓の反応、及び／又は心臓の反応）を起こす恐れがあり、例えば、実質的な治療利益がほとんど若しくは全くないことから、医薬組成物は少量の空のカプシドを有するのが有利である。

【１１４０】

一部の実施形態では、医薬組成物中の残留宿主細胞タンパク質（ｒＨＣＰ）は、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１００ｎｇ／ｍｌ以下のｒＨＣＰ、例えば、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり４０ｎｇ／ｍｌ以下のｒＨＣＰ又は１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１～５０ｎｇ／ｍｌのｒＨＣＰである。一部の実施形態では、医薬組成物は、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１０ｎｇ未満のｒＨＣＰ若しくは１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり５ｎｇ未満のｒＨＣＰ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり４ｎｇ未満のｒＨＣＰ若しくは１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり３ｎｇ未満のｒＨＣＰ、又はこれらの間の任意の濃度を含む。一部の実施形態では、医薬組成物中の残留宿主細胞ＤＮＡ（ｈｃＤＮＡ）は、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり５

×１０$^{6}$ｐｇ／ｍｌ以下のｈｃＤＮＡ、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１．２×１０$^{6}$ｐｇ／ｍｌ以下のｈｃＤＮＡ、又は１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１×１０$^{5}$ｐｇ／ｍｌのｈｃＤＮＡである。一部の実施形態では、前記医薬組成物中の残留宿主細胞ＤＮＡは、１×１０$^{13}$ｖｇ当たり５．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり２．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１．１×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１．０×１０$^{5}$ｐｇ未満のｈｃＤＮＡ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．９×１０$^{5}$ｐｇ未満のｈｃＤＮＡ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．８×１０$^{5}$ｐｇ未満のｈｃＤＮＡ又はこれらの間の任意の濃度である。

【１１４１】

一部の実施形態では、医薬組成物中の残留プラスミドＤＮＡは、１．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１．７×１０$^{5}$ｐｇ／ｍｌ以下、１×１．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１×１０$^{5}$ｐｇ／ｍｌ、又は１．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１．７×１０$^{6}$ｐｇ／ｍｌである。一部の実施形態では、医薬組成物中の残留ＤＮＡプラスミドは、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１０．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり８．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、又は１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり６．８×１０$^{5}$ｐｇ未満である。一部の実施形態では、医薬組成物は、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．５ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．３ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．２２ｎｇ未満若しくは１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．２ｎｇ未満、又は任意の中間濃度のウシ血清アルブミン（ＢＳＡ）を含む。複数の実施形態では、医薬組成物中のベンゾナーゼは、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．２ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．１ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．０９ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．０８ｎｇ未満、又は任意の中間濃度である。複数の実施形態では、医薬組成物中のポロキサマー１８８は、約１０～１５０ｐｐｍ、約１５～１００ｐｐｍ又は約２０～８０ｐｐｍである。複数の実施形態では、医薬組成物中のセシウムは、５０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満、３０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満若しくは２０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満、又は任意の中間濃度である。

【１１４２】

複数の実施形態では、医薬組成物は、例えば、ＳＤＳ－ＰＡＧＥにより測定して、１０％未満、８％未満、７％未満、６％未満、５％未満、４％未満、３％未満、２％未満又はそれらの間の任意のパーセンテージの総不純物を含む。複数の実施形態では、総不純物は、例えば、ＳＤＳ－ＰＡＧＥにより測定して、９０％超、９２％超、９３％超、９４％超、９５％超、９６％超、９７％超、９８％超又はそれらの間の任意のパーセンテージである。複数の実施形態では、単一の不特定関連不純物はいずれも、例えば、ＳＤＳ－ＰＡＧＥにより測定して、５％超、４％超、３％超若しくは２％超又はそれらの間の任意のパーセンテージである。複数の実施形態では、医薬組成物は、総カプシド（分析用超遠心により測定して、ピーク１＋ピーク２）に対して、８５％超、８６％超、８７％超、８８％超、８９％超、９０％超、９１％超、９１．９％超、９２％超、９３％超のパーセンテージ又はそれらの間の任意のパーセンテージの充填カプシドを含む。医薬組成物の複数の実施形態では、分析用超遠心によりピーク１で測定した充填カプシドのパーセンテージは、２０～８０％、２５～７５％、３０～７５％、３５～７５％、又は３７．４～７０．３％である。医薬組成物の複数の実施形態では、分析用超遠心によりピーク２で測定した充填カプシドのパーセンテージは、２０～８０％、２０～７０％、２２～６５％、２４～６２％又は２４．９～６０．１％である。

【１１４３】

一実施形態では、医薬組成物は、１．０～５．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬ、１．２～３．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬ、又は１．７～２．３×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌのゲノム力価を含む。一実施形態では、医薬組成物は、５ＣＦＵ／ｍＬ未満、４ＣＦＵ／ｍＬ未満、３ＣＦＵ／ｍＬ未満、２ＣＦＵ／ｍＬ未満若しくは１ＣＦＵ／ｍＬ未満、又は任意の中間濃度の生物学的負荷を示す。複数の実施形態では、ＵＳＰ、例えば、ＵＳＰ＜８５＞（その全体が参照により組み込まれる）に従うエンドトキシンの量は、１．０ＥＵ／ｍＬ未満、０．８ＥＵ／ｍＬ未満、又は０．７５ＥＵ／ｍＬ未満である。複数の実施形態では、ＵＳＰ、例

えば、ＵＳＰ＜７８５＞（その全体が参照により組み込まれる）に従う医薬組成物の浸透圧は、３５０～４５０ｍＯｓｍ／ｋｇ、３７０～４４０ｍＯｓｍ／ｋｇ又は３９０～４３０ｍＯｓｍ／ｋｇである。複数の実施形態では、医薬組成物は、容器当たり１２００個未満の２５μｍ超の粒子、容器当たり１０００個未満の２５μｍ超の粒子、容器当たり５００個未満の２５μｍ超の粒子、又は任意の中間値を含有する。複数の実施形態では、医薬組成物は、容器当たり１０，０００個未満の１０μｍ超の粒子、容器当たり８０００個未満の１０μｍ超の粒子又は容器当たり６００個未満の１０ｐｍ超の粒子を含有する。

【１１４４】

一実施形態では、医薬組成物は、０．５～５．０×$10^{13}$ｖｇ／ｍＬ、１．０～４．０×$10^{13}$ｖｇ／ｍＬ、１．５～３．０×$10^{13}$ｖｇ／ｍｌ又は１．７～２．３×$10^{13}$ｖｇ／ｍｌのゲノム力価を有する。一実施形態では、本明細書に記載の医薬組成物は、以下の１つ又は複数を含む：１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約０．０９ｎｇ未満のベンゾナーゼ、約３０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満のセシウム、約２０～８０ｐｐｍのポロキサマー１８８、１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約０．２２ｎｇ未満のＢＳＡ、１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約６．８×$10^{5}$ｐｇ未満の残留ＤＮＡプラスミド、１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約１．１×$10^{5}$ｐｇ未満の残留ｈｃＤＮＡ、１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約４ｎｇ未満のｒＨＣＰ、ｐＨ７．７～８．３、約３９０～４３０ｍＯｓｍ／ｋｇ、容器当たり約６００個未満の粒径＞２５μｍの粒子、容器当たり約６０００個未満の粒径＞１０μｍの粒子、約１．７×$10^{13}$～２．３×$10^{13}$ｖｇ／ｍＬのゲノム力価、１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約３．９×$10^{8}$～８．４×$10^{10}$ＩＵの感染力価、１．０×$10^{13}$ｖｇ当たり約１００～３００ｐｇの総タンパク質、約７．５×$10^{13}$ｖｇ／ｋｇ用量のウイルスベクターを用いたＡ７ＳＭＡマウスで＞２４日の平均生存期間、インビトロ細胞アッセイに基づき約７０～１３０％の相対効力及び／又は約５％未満の空のカプシド。様々な実施形態では、本明細書に記載の医薬組成物は、本明細書で扱うウイルス粒子のいずれかを含み、参照基準の±２０％、±１５％、±１０％又は±５％の効力を保持する。一部の実施形態では、好適なインビトロ細胞アッセイ又はインビボ動物モデルを用いて、効力を測定する。

【１１４５】

ＡＡＶ粒子の別の調製、特性決定、及び投与方法は、国際公開第２０１９０９４２５３号パンフレット（その全体が、参照により本明細書に組み込まれる）に教示されている。

【１１４６】

本発明と一致して使用することができる別のｒＡＡＶ構築物として、表１を含め、以下：／／ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０３８／ｓ４１５７３－０１９－００１２－９で入手可能なＷａｎｇ　ｅｔ　ａｌ　２０１９（その全体が、参照により組み込まれる）に記載されているものが挙げられる。

【１１４７】

脂質ナノ粒子

本明細書で提供される方法及びシステムは、特定の実施形態では、脂質ナノ粒子（ＬＮＰ）を含む任意の好適な担体又は送達方法を含み得る。脂質ナノ粒子は、一部の実施形態において、１つ若しくは複数のイオン脂質、例えば、非カチオン脂質（例えば、中性若しくはアニオン、又は双性イオン脂質）；１つ若しくは複数の共役脂質（例えば、その全体が参照により本明細書に組み込まれる、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレットの表５に記載される、ＰＥＧ共役脂質又はポリマーと共役した脂質など）；１つ若しくは複数のステロール（例えば、コレステロール）；並びに任意選択で１つ若しくは複数のターゲティング分子（例えば、共役受容体、受容体リガンド、抗体）；又はこれらの組合せを含む。

【１１４８】

ナノ粒子形成（例えば、脂質ナノ粒子）に使用することができる脂質として、例えば、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表４に記載されるものが挙げられ、例えば、脂質含有ナノ粒子は、国際公開第２０１９

２１７９４１号パンフレットの表４に示される脂質の１つ又は複数を含み得る。脂質ナノ粒子は、ポリマー、例えば、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表５に記載されるポリマーなどの別の要素を含み得る。

【１１４９】

一部の実施形態では、共役脂質は、存在する場合、ＰＥＧ－ジアシルグリセロール（ＤＡＧ）（例えば、１－（モノメトキシ－ポリエチレングリコール）－２，３－ジミリストイルグリセロール（ＰＥＧ－ＤＭＧ））、ＰＥＧ－ジアルキルオキシプロピル（ＤＡＡ）、ＰＥＧ－リン脂質、ＰＥＧ－セラミド（Ｃｅｒ）、ペグ化ホスファチジルエタノールアミン（ＰＥＧ－ＰＥ）、ＰＥＧ－コハク酸ジアシルグリセロール（ＰＥＧＳ－ＤＡＧ）（例えば、４－０－（２’，３’－ジ（テトラデカノイルオキシ）プロピル－１－０－（ｗ－メトキシ（ポリエトキシ）エチル）ブタンジオエート（ＰＥＧ－Ｓ－ＤＭＧ））、ＰＥＧジアルコキシプロピルカルバム、Ｎ－（カルボニル－１－メトキシポリエチレングリコール２０００）－１，２－ジステアロイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミンナトリウム塩及び国際公開第２０１９０５１２８９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）並びにこれらの組合せの１つ又は複数を含む。

【１１５０】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子に組み込むことができるステロールは、コレステロール又はこれらのコレステロール誘導体、例えば、国際公開第２００９／１２７０６０号パンフレット又は米国特許出願公開第２０１０／０１３０５８８号明細書（参照により本明細書に組み込まれる）に記載のものなどを含む。別の例示的なステロールとして、フィトステロールが挙げられ、Ｅｙｇｅｒｉｓ　ｅｔ　ａｌ（２０２０），ｄｘ．ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０２１／ａｃｓ．ｎａｎｏｌｅｔｔ．０ｃ０１３８６（参照により本明細書に組み込まれる）に記載のものを含む。

【１１５１】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、イオン化性脂質、非カチオン脂質、粒子の凝集を阻害する共役脂質、及びステロールを含む。これらの成分の量は、独立して、且つ所望の特性を達成するように変動し得る。例えば、一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、総脂質の約２０ｍｏｌ％～約９０ｍｏｌ％の量のイオン化性脂質（他の実施形態では、それは、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の２０～７０％（ｍｏｌ）、３０～６０％（ｍｏｌ）若しくは４０～５０％（ｍｏｌ）；約５０ｍｏｌ％～約９０ｍｏｌ％であり得る）、総脂質の約５ｍｏｌ％～約３０ｍｏｌ％の量の非カチオン脂質、総脂質の約０．５ｍｏｌ％～約２０ｍｏｌ％の量の共役脂質、及び総脂質の約２０ｍｏｌ％～約５０ｍｏｌ％の量のステロールを含む。核酸（例えば、遺伝子組換えポリペプチド又は鋳型核酸をコードする）に対する総脂質の比は、要望に応じて変動し得る。例えば、核酸に対する総脂質（質量又は重量）は、約１０：１～約３０：１であり得る。

【１１５２】

一部の実施形態では、イオン化性脂質は、カチオン性脂質、イオン化性カチオン性脂質、例えば、ｐＨに応じて正に帯電した形態又は中性の形態で存在することができるカチオン性脂質、又は容易にプロトン化され得るアミン含有脂質であり得る。一部の実施形態では、カチオン性脂質は、例えば生理学的条件下で、正に荷電することができる脂質である。例示的なカチオン性脂質には、正電荷を保持する１つ又は複数のアミン基が含まれる。一部の実施形態では、脂質粒子は、中性脂質、イオン化性アミン含有脂質、生分解性アルキン脂質、ステロイド、多価不飽和脂質を含むリン脂質、構造脂質（例えば、ステロール）、ＰＥＧ、コレステロール及びポリマー共役脂質の１つ又は複数とともに、製剤中にカチオン性脂質を含む。一部の実施形態では、カチオン性脂質は、イオン化可能なカチオン性脂質であり得る。本明細書に開示される例示的なカチオン性脂質は、６．０を超える有効ｐＫａを有し得る。実施形態では、脂質ナノ粒子は、第１カチオン性脂質と異なる有効ｐＫａ（例えば、第１有効ｐＫａより大きい）を有する第２カチオン性脂質を含み得る。脂質ナノ粒子は、脂質ナノ粒子内に封入されているか、又はそれと会合している、４０～６０モルパーセントのカチオン性脂質、中性脂質、ステロイド、ポリマー共役脂質、及び

治療剤、例えば、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）を含み得る。一部の実施形態では、核酸はカチオン性脂質と共製剤化される。核酸は、ＬＮＰ、例えば、カチオン性脂質を含むＬＮＰの表面に吸着され得る。一部の実施形態では、核酸は、ＬＮＰ、例えば、カチオン性脂質を含むＬＮＰに封入され得る。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、例えば、ターゲティング剤でコーティングされたターゲティング部分を含み得る。実施形態では、ＬＮＰ製剤は生分解性である。一部の実施形態では、本明細書に記載の１つ又は複数の脂質、例えば、式（ｉ）、（ｉｉ）、（ｉｉ）、（ｖｉｉ）及び／又は（ｉｘ）を含む脂質ナノ粒子は、少なくとも１％、少なくとも５％、少なくとも１０％、少なくとも２０％、少なくとも３０％、少なくとも４０％、少なくとも５０％、少なくとも６０％、少なくとも７０％、少なくとも８０％、少なくとも９０％、少なくとも９２％、少なくとも９５％、少なくとも９７％、少なくとも９８％又は１００％のＲＮＡ分子、例えば、鋳型ＲＮＡ及び／又は遺伝子組換えポリペプチドをコードするｍＲＮＡを封入する。

【１１５３】

一部の実施形態では、脂質と核酸の比（質量／質量比；ｗ／ｗ比）は、約１：１～約２５：１、約１０：１～約１４：１、約３：１～約１５：１、約４：１～約１０：１、約５：１～約９：１、又は約６：１～約９：１の範囲であり得る。脂質及び核酸の量は、所望のＮ／Ｐ比、例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０以上のＮ／Ｐ比を提供するように、調節することができる。一般に、脂質ナノ粒子製剤の総脂質含量は、約５ｍｇ／ｍｌ～約３０ｍｇ／ｍｌであり得る。

【１１５４】

脂質ナノ粒子製剤に使用することができる例示的なイオン化性脂質は、限定されないが、国際公開第２０１９０５１２８９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表１に列挙されるものを含む。別の例示的な脂質として、限定されないが、以下の式の１つ若しくは複数が挙げられる：米国特許出願公開第２０１６／０３１１７５９号明細書のＸ；米国特許出願公開第２０１５０３７６１１５号又は米国特許第２０１６／０３７６２２４号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１６０１５１２８４号明細書のＩ、ＩＩ又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１７０２１０９６７号明細書のＩ、ＩＡ、ＩＩ、又はＩＩＡ；米国特許出願公開第２０１５０１４００７０号明細書のＩ－ｃ；米国特許出願公開第２０１３／０１７８５４１号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／０３０３５８７号又は米国特許第２０１３／０１２３３３８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１５／０１４１６７８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１５／０２３９９２６号明細書のＩＩ、ＩＩＩ、ＩＶ、又はＶ；米国特許出願公開第２０１７／０１１９９０４号明細書のＩ；国際公開第２０１７／１１７５２８号パンフレットのＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１２／０１４９８９４号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１５／００５７３７３号明細書のＡ；国際公開第２０１３／１１６１２６号パンフレットのＡ；米国特許出願公開第２０１３／００９０３７２号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／０２７４５２３号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／０２７４５０４号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／００５３５７２号明細書のＡ；国際公開第２０１３／０１６０５８号パンフレットのＡ；国際公開第２０１２／１６２２１０号パンフレットのＡ；米国特許出願公開第２００８／０４２９７３号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１２／０１２８７６７０号明細書のＩ、ＩＩ、ＩＩＩ又はＩＶ；米国特許出願公開第２０１４／０２００２５７号明細書のＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１５／０２０３４４６号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１５／０００５３６３号明細書のＩ又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１４／０３０８３０４号明細書のＩ、ＩＡ、ＩＢ、ＩＣ、ＩＤ、ＩＩ、ＩＩＡ、ＩＩＢ、ＩＩＣ、ＩＩＤ、又はＩＩＩ－ＸＸＩＶ；米国特許出願公開第２０１３／０３３８２１０号明細書の；国際公開第２００９／１３２１３１号パンフレットのＩ、ＩＩ、ＩＩＩ、又はＩＶ；米国特許出願公開第２０１２／０１０１１４７８号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１２／００２７７９６号明細書のＩ又はＸＸＸＶ；米国特許出願公開第２０１２／００５８１４４号明細書のＸＩＶ又は

ＸＶＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０３２３２６９号明細書の；米国特許出願公開第２０１１／０１１７１２５号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１１／０２５６１７５号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１２／０２０２８７１号明細書のＩ、ＩＩ、ＩＩＩ、ＩＶ、Ｖ、ＶＩ、ＶＩＩ、ＶＩＩＩ、ＩＸ、Ｘ、ＸＩ、ＸＩＩ；米国特許出願公開第２０１１／００７６３３５号明細書のＩ、ＩＩ、ＩＩＩ、ＩＶ、Ｖ、ＶＩ、ＶＩＩ、ＶＩＩＩ、Ｘ、ＸＩＩ、ＸＩＩＩ、ＸＩＶ、ＸＶ、又はＸＶＩ；米国特許出願公開第２００６／００８３７８号明細書のＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１２３３３８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１５／００６４２４２号明細書のＩ又はＸ－Ａ－Ｙ－Ｚ；米国特許出願公開第２０１３／００２２６４９号明細書のＸＶＩ、ＸＶＩＩ、又はＸＶＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１１６３０７号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１１６３０７号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１０／００６２９６７号明細書のＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１８９３５１号明細書のＩ～Ｘ；米国特許出願公開第２０１４／００３９０３２号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書のＶ；米国特許出願公開第２０１６／０３１７４５８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１９５９２０号明細書のＩ；米国特許第１０，２２１，１２７号明細書の５、６、又は１０；国際公開第２０１８／０８１４８０号パンフレットのＩＩＩ－３；国際公開第２０２０／０８１９３８号パンフレットのＩ－５又はＩ－８；米国特許第９，８６７，８８８号明細書の１８又は２５；米国特許出願公開第２０１９／０１３６２３１号明細書のＡ；国際公開第２０２０／２１９８７６号パンフレットのＩＩ；米国特許出願公開第２０１２／００２７８０３号明細書の１；米国特許出願公開第２０１９／０２４０３４９号明細書のＯＦ－０２；米国特許第１０，０８６，０１３号明細書の２３；Ｍｉａｏ　ｅｔ　ａｌ（２０２０）のｃＫＫ－Ｅ１２／Ａ６；国際公開第２０１０／０５３５７２号パンフレットのＣ１２－２００；Ｄａｈｌｍａｎ　ｅｔ　ａｌ（２０１７）の７Ｃ１；Ｗｈｉｔｅｈｅａｄ　ｅｔ　ａｌの３０４－Ｏ１３又は５０３－Ｏ１３；米国特許第９，７０８，６２８号明細書のＴＳ－Ｐ４Ｃ２；国際公開第２０２０／１０６９４６号パンフレットのＩ；国際公開第２０２０／１０６９４６号パンフレットのＩ。

【１１５５】

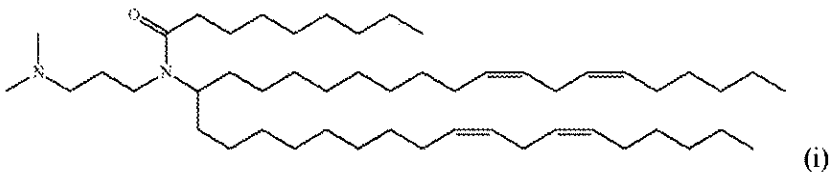
一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例９に記載されているように、ＭＣ３（６Ｚ，９Ｚ，２８Ｚ，３　ｌＺ）－ヘプタトリアコンター６，９，２８，３，ｌ－テトラエン－ｌ９－イル－４－（ジメチルペンチルアミノ）ブタノエート（ＤＬｉｎ－ＭＣ３－ＤＭＡ又はＭＣ３）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１０に記載されているように、脂質ＡＴＸ－００２である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１１に記載されているように、（ｌ３Ｚ，ｌ６Ｚ）－Ａ，Ａ－ジメチル－３－ノニルドコサ－ｌ３、ｌ６－ジエン－１－アミン（化合物３２）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１２に記載されているように、化合物６又は化合物２２である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、米国特許第９，８６７，８８８号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１に記載されている、ヘプタデカン－９－イル８－（（２－ヒドロキシエチル）（６－オキソ－６－（ウンデシルオキシ）ヘキシル）アミノ）オクタノエート（ＳＭ－１０２）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１５／０９５３４０号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１３で合成された、９Ｚ，１２Ｚ）－３－（（４，４－ビス（オクチルオキシ）ブタノイル）オキシ）－２－（（（（３－（ジエチルアミノ）プロポキシ）カルボニル）オキシ）メチル）プロピルオクタデカ－９，１２－ジエノエート（ＬＰ０１）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、ジ（（Ｚ）－ノン－２－

エン－１－イル）９－（（４－ジメチルアミノ）ブタノイル）オキシ）ヘプタデカンジオエート（Ｌ３１９）であり、例えば、米国特許出願公開第２０１２／００２７８０３号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例７、８、又は９で合成される。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１０／０５３５７２号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１４及び１６で合成された、１，１’－（（２－（４－（２－（（２－（ビス（２－ヒドロキシドデシル）アミノ）エチル）（２－ヒドロキシドデシル）アミノ）エチル）ピペラジン－１－イル）エチル）アザンジイル）ビス（ドデカン－２－オール）（Ｃ１２－２００）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、イミダゾールコレステロールエステル（ＩＣＥ）脂質（３Ｓ，１０Ｒ，１３Ｒ，１７Ｒ）－１０，１３－ジメチル－１７－（（Ｒ）－６－メチルヘプタン－２－イル）－２，３，４，７，８，９，１０，１１，１２，１３，１４，１５，１６，１７－テトラデカヒドロ－１Ｈ－シクロペンタ［ａ］フェナントレン－３－イル３－（１Ｈ－イミダゾール－４－イル）プロパノエート、例えば、国際公開第２０２０／１０６９４６号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の構造（Ｉ）である。

【１１５６】

本明細書に記載の組成物、例えば、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）、の送達のための脂質ナノ粒子を形成するために（例えば、他の脂質成分と組み合わせて）使用され得る脂質化合物のいくつかの非限定的な例は、

【化１２】



(i)

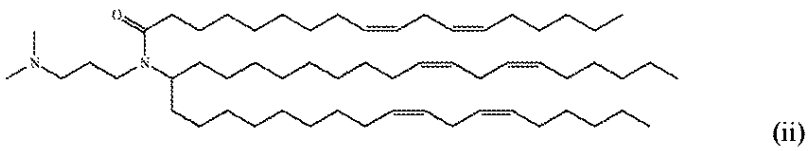
を含む。

【１１５７】

一部の実施形態では、式（ｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１５８】

【化１３】

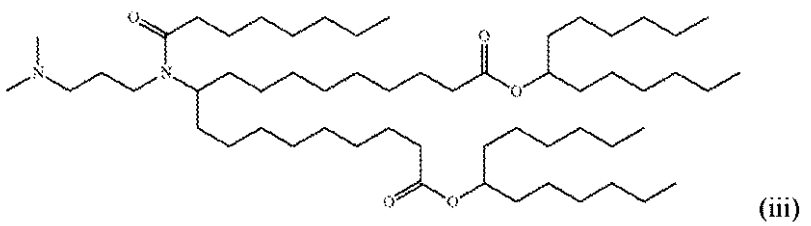


(ii)

一部の実施形態では、式（ｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１５９】

【化１４】



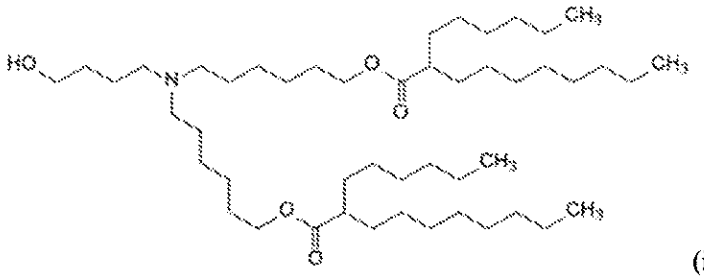
(iii)

一部の実施形態では、式（ｉｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子

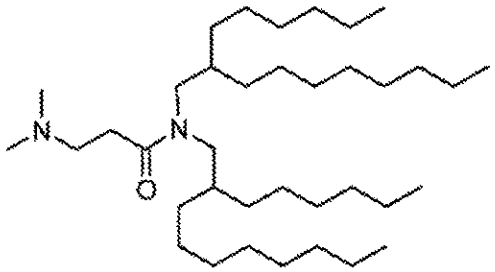
組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６０】

【化１５】



(iv)

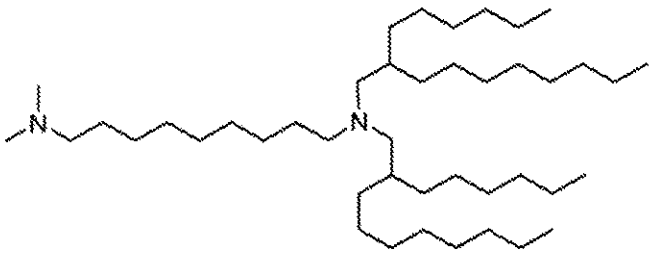


(v)

【１１６１】

一部の実施形態では、式（ｖ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【化１６】

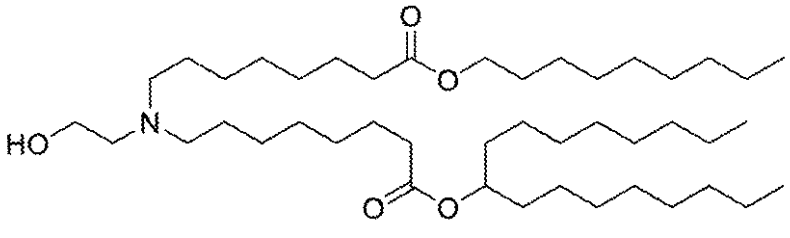


(vi)

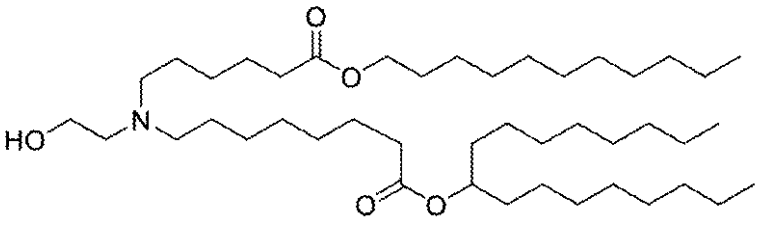
【１１６２】

一部の実施形態では、式（ｖｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【化１７】



(vii)

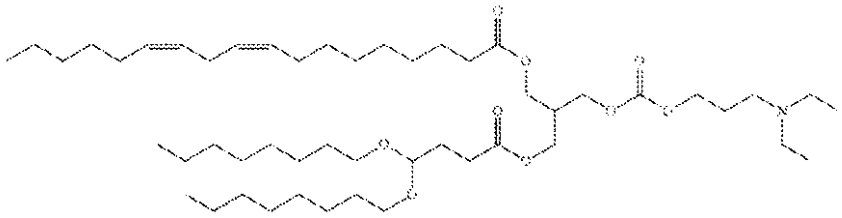


(viii)

一部の実施形態では、式（ｖｉｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６３】

【化１８】

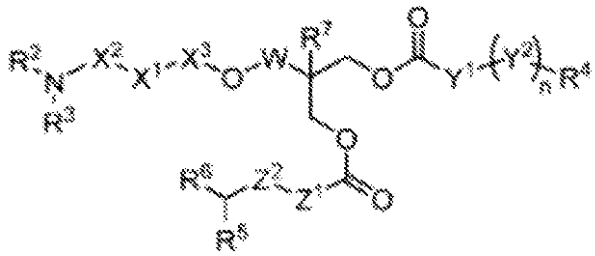


(ix)

一部の実施形態では、式（ｉｘ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６４】

【化１９】

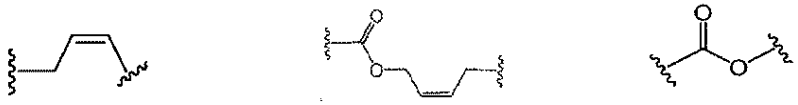


(x)

式中、

$X^1$はＯ、$NR^1$、又は直接結合であり、$X^2$はＣ２～５アルキレンであり、$X^3$はＣ（＝０）又は直接結合であり、$R^1$はＨ又はＭｅであり、$R^3$はＣｉ～３アルキルであり、$R^2$はＣｉ～３アルキルであるか、又は$R^2$はそれが結合している窒素原子及び$X^2$の１～３個の炭素原子と一緒になって、４、５、又は６員環を形成するか、又は$X^1$は$NR^1$、$R^1$及び$R^2$であり、それらが結合している窒素原子と一緒になって、５又は６員環を形成するか、又は$R^2$は$R^3$及びそれらが結合している窒素原子と一緒になって、５、６、又は７員環を形成し、$Y^1$はＣ２～１２アルキレンであり、$Y^2$は

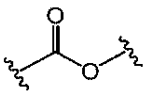
【化２０】



（いずれかの配向）、　（いずれかの配向）、　（いずれかの配向）

から選択され、ｎは０～３であり、$R^4$はＣｉ～１５アルキルであり、$Z^1$はＣｉ～６アルキレン又は直接結合であり、$Z^2$は

【化２１】

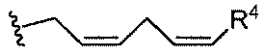


又は非存在であり、ただし、$Z^1$が直接結合である場合、$Z^2$は非存在であり；

$R^5$はＣ５～９アルキル又はＣ６～１０アルコキシであり、$R^6$はＣ５～９アルキル又はＣ６～１０アルコキシであり、Ｗはメチレン又は直接結合であり、$R^7$はＨ若しくはＭｅ、又はその塩であり、ただし、$R^3$及び$R^2$がＣ２アルキルである場合、$X^1$はＯであり、$X^2$は直鎖Ｃ３アルキレンであり、$X^3$はＣ（＝０）であり、$Y^1$は直鎖Ｃｅアルキレ

ンであり、（Ｙ$^{2}$）ｎ－Ｒ$^{4}$は

【化２２】



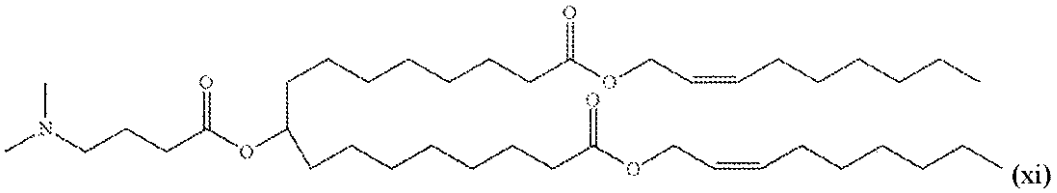
であり、Ｒ$^{4}$は直鎖Ｃ５アルキルであり、Ｚ$^{1}$はＣ２アルキレンであり、Ｚ$^{2}$は非存在であり、Ｗはメチレンであり、Ｒ$^{7}$はＨであり、Ｒ$^{5}$及びＲ$^{6}$はＣｘアルコキシでない。

【１１６５】

一部の実施形態では、式（ｘｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６６】

【化２３】

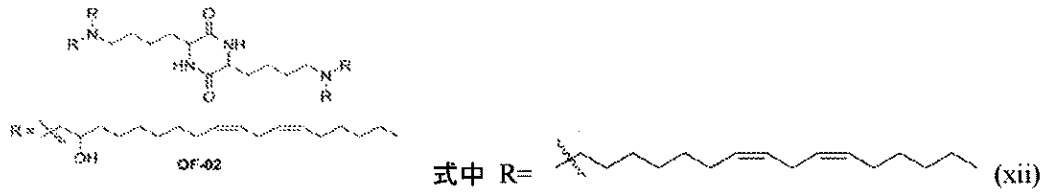


(xi)

一部の実施形態では、式（ｘｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

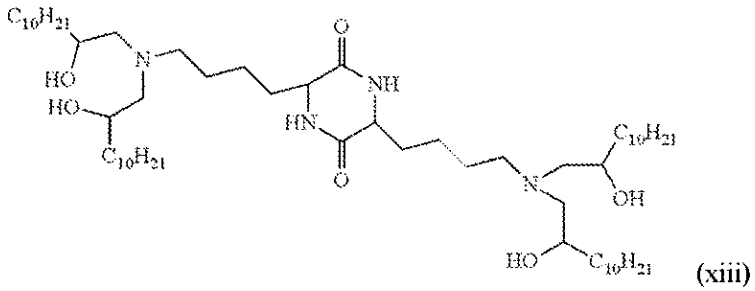
【１１６７】

【化２４】

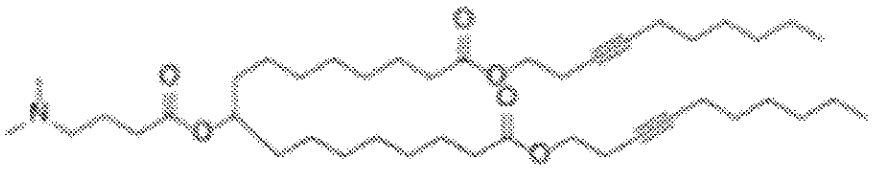


式中 R=

(xii)



(xiii)

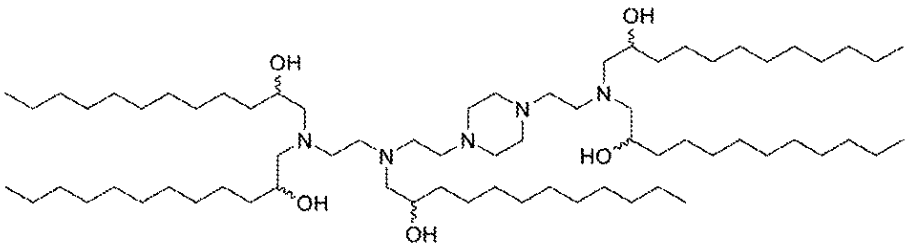


(xiv)

一部の実施形態では、ＬＮＰは、式（ｘｉｉｉ）の化合物及び式（ｘｉｖ）の化合物を含む。

【１１６８】

【化２５】

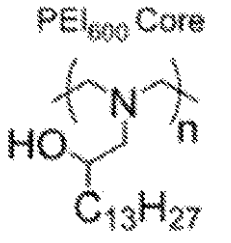


(xv)

一部の実施形態では、式（ｘｖ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６９】

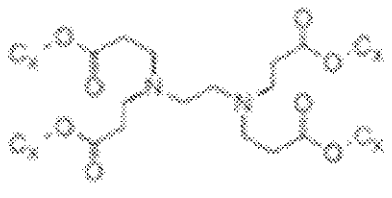
【化２６】



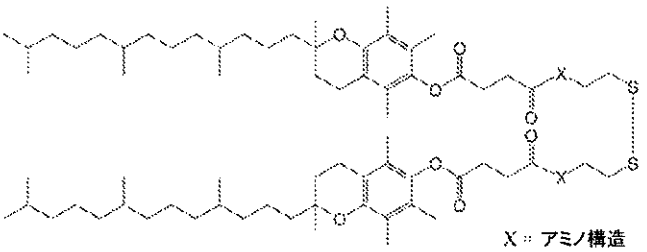
(xvi)

一部の実施形態では、式（ｘｖｉ）の製剤を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肺内皮細胞に送達する。

【化２７】

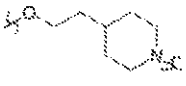


(xvii)



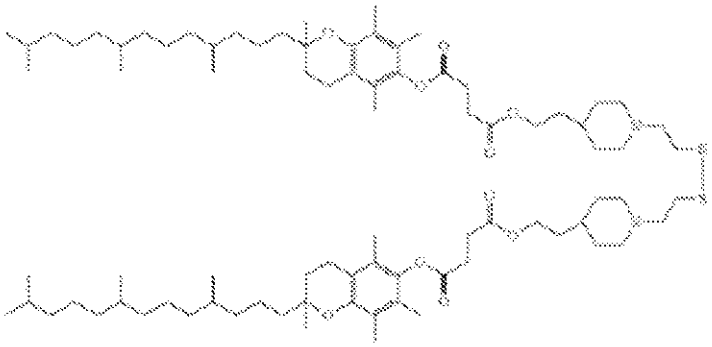
X＝アミノ構造

式中 X=

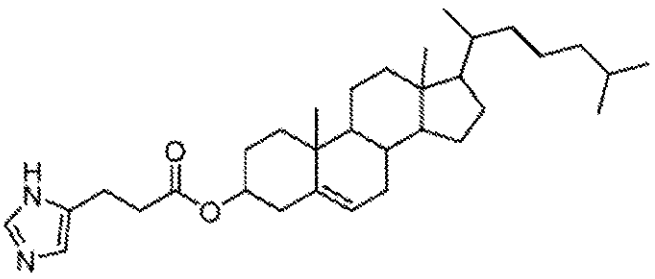


(xviii)

(a)



(xviii)(b)

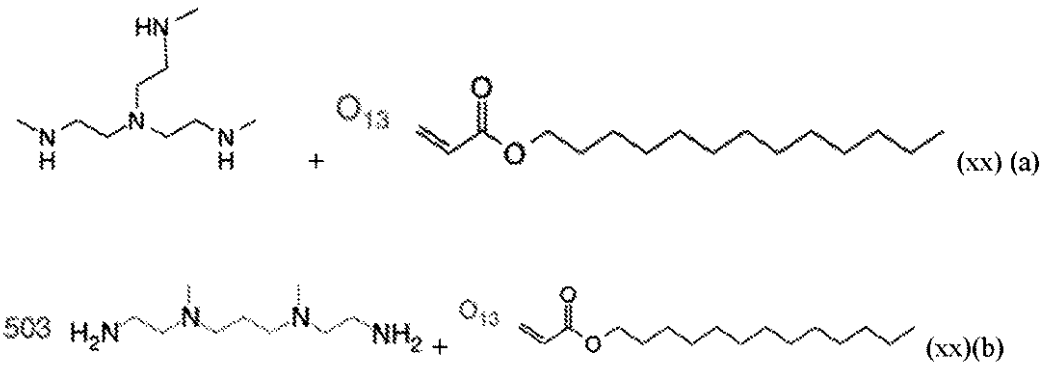


(xix)

【１１７０】

一部の実施形態では、本明細書に記載の組成物、例えば、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）、の送達のための脂質ナノ粒子を形成するために使用される脂質化合物は、以下の反応の１つによって作製される：

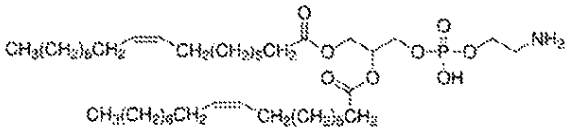
【化２８】




【１１７１】

例示的な非カチオン脂質として、限定されないが、以下のものが挙げられる：ジステアロイル－ｓｎ－グリセロ－ホスホエタノールアミン、ジステアロイルホスファチジルコリン（ＤＳＰＣ）、ジオレオイルホスファチジルコリン（ＤＯＰＣ）、ジパルミトイルホスファチジルコリン（ＤＰＰＣ）、ジオレオイルホスファチジルグリセロール（ＤＯＰＧ）、ジパルミトイルホスファチジルグリセロール（ＤＰＰＧ）、ジオレオイル－ホスファチジルエタノールアミン（ＤＯＰＥ）、１，２－ジオレオイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミン（ＤＯＰＥ）、パルミトイルオレオイルホスファチジルコリン（ＰＯＰＣ）、パルミトイルオレオイルホスファチジルエタノールアミン（ＰＯＰＥ）、４－（Ｎ－マレイミドメチル）－シクロヘキサン－１－カルボン酸ジオレオイル－ホスホエタノールアミン（ＤＯＰＥ－ｍａｌ）、ジパルミトイルホスファチジルエタノールアミン（ＤＰＰＥ）、ジパルミリストイルホスファチジルエタノールアミン（ＤＭＰＥ）、ジステアロイル－ホスファチジル－エタノールアミン（ＤＳＰＥ）、モノメチル－ホスファチジルエタノールアミン（例えば、１６－Ｏ－モノメチルＰＥ）、ジメチル－ホスファチジルエタノールアミン（例えば、１６－Ｏ－ジメチルＰＥ）、１８－１－トランスＰＥ、１－ステアロイル－２－オレオイル－１－ホスファチジルエタノールアミン（ＳＯＰＥ）、水素添加ダイズホスファチジルコリン（ＨＳＰＣ）、卵ホスファチジルコリン（ＥＰＣ）、ジオレオイルホスファチジルセリン（ＤＯＰＳ）、スフィンゴミエリン（ＳＭ）、ジミリストイルホスファチジルコリン（ＤＭＰＣ）、ジミリストイルホスファチジルグリセロール（ＤＭＰＧ）、ジステアロイルホスファチジルグリセロール（ＤＳＰＧ）、ジエルコイルホスファチジルコリン（ＤＥＰＣ）、パルミトイルオレオイルホスファチジルグリセロール（ＰＯＰＧ）、ジエライドイル－ホスファチジルエタノールアミン（ＤＥＰＥ）、レシチン、ホスファチジルエタノールアミン、リソレシチン、リソホスファチジルエタノールアミン、ホスファチジルセリン、ホスファチジルイノシトール、スフィンゴミエリン、卵スフィンゴミエリン（ＥＳＭ）、セファリン、カルジオリピン、ホスファチジン酸、セレブロシド、リン酸ジセチル、リソホスファチジルコリン、ジリノレオイルホスファチジルコリン、又はそれらの混合物。更に、他のジアセチルホスファチジルコリン及びジアセチルホスファチジルエタノールアミンリン脂質も使用できることが理解される。これらの脂質中のアシル基は、好ましくは、Ｃ１０～２４炭素鎖を有する脂肪酸由来のアシル基、例えば、ラウロイル、ミリストイル、パルミトイル、ステアロイル、又はオレオイルである。特定の実施形態における別の例示的な脂質として、限定しないが、Ｋｉｍ　ｅｔ　ａｌ．（２０２０）ｄｘ．ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０２１／ａｃｓ．ｎａｎｏｌｅｔｔ．０ｃ０１３８６（参照により本明細書に組み込まれる）に記載されるものが挙げられる。こうした脂質には、一部の実施形態では、ｍＲＮＡを用いた肝トランスフェクションを改善することが判明している植物脂質（例えば、ＤＧＴＳ）が含まれる。一部の実施形態では、非カチオン性脂質は、以下の構造を有し得る。

【化２９】



(xxi)

【１１７２】

脂質ナノ粒子での使用に適した非カチオン脂質の他の例として、限定しないが、無リン脂質、例えば、ステアリルアミン、ドデエイルアミン、ヘキサアデシルアミン、パルミチン酸アセチル、リシノール酸グリセロール、ステアリン酸ヘキサデシル、ミリスチン酸イソプロピル、両性アクリルポリマー、ラウリル硫酸トリエタノールアミン、アルキル－アリール硫酸塩ポリエトキシル化脂肪酸アミド、ジオクタデシルジメチルアンモニウム臭化物、セラミド、スフィンゴミエリンなどが挙げられる。他の非カチオン脂質は、国際公開第２０１７／０９９８２３号パンフレット又は米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書に記載されており、それらの内容は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１１７３】

一部の実施形態では、非カチオン脂質は、米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の式Ｉ、ＩＩ若しくはＩＶのオレイン酸又は化合物である。非カチオン脂質は、例えば、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０～３０％（ｍｏｌ）を占め得る。一部の実施形態では、非カチオン脂質含有率は、例えば、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の５～２０％（ｍｏｌ）又は１０～１５％（ｍｏｌ）である。複数の実施形態では、イオン化性脂質と中性脂質のモル比は、約２：１～約８：１（例えば、約２：１、３：１、４：１、５：１、６：１、７：１、又は８：１）の範囲である。

【１１７４】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、リン脂質を一切含まない。

【１１７５】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、膜完全性を賦与するために、ステロールなどの成分を更に含み得る。脂質ナノ粒子に使用することができるステロールの一例は、コレステロール及びその誘導体である。コレステロール誘導体の非限定的な例として、５ａ－コレスタノール、５３－コプロスタノール、コレステリル－（２－ヒドロキシ）－エチルエーテル、コレステリル－（４’－ヒドロキシ）－ブチルエーテル、及び６－ケトコレスタノールなどの極性類似体；５ａ－コレスタン、コレステノン、５ａ－コレスタノン、５ｐ－コレスタノン、及びデカン酸コレステリルなどの非極性類似体；並びにそれらの混合物が挙げられる。一部の実施形態では、コレステロール誘導体は、極性類似体、例えば、コレステリル－（４’－ヒドロキシ）－ブチルエステルである。例示的なコレステロール誘導体は、国際公開第２００９／１２７０６０号パンフレット及び米国特許出願公開第２０１０／０１３０５８８号明細書（これらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１１７６】

一部の実施形態では、膜完全性を賦与する成分、例えば、ステロールなどは、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０～５０％（ｍｏｌ）（例えば、０～１０％、１０～２０％、２０～３０％、３０～４０％、又は４０～５０％）を含む。一部の実施形態では、こうした成分は、脂質ナノ粒子の総脂質の２０～５０％（ｍｏｌ）、３０～４０％（ｍｏｌ）である。

【１１７７】

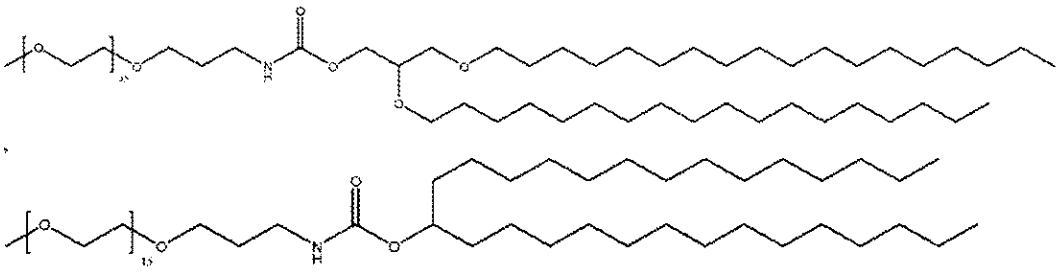
一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、ポリエチレングリコール（ＰＥＧ）又は共役脂質分子を含み得る。一般に、これらは、脂質ナノ粒子の凝集を阻害し、且つ／又は立体安定化をもたらす。例示的な共役脂質として、限定されないが、ＰＥＧ－脂質コンジュゲー

ト、ポリオキサゾリン（ＰＯＺ）－脂質コンジュゲート、ポリアミド－脂質コンジュゲート（例えば、ＡＴＴＡ－脂質コンジュゲート）、カチオンポリマー脂質（ＣＰＬ）コンジュゲート、及びそれらの混合物が挙げられる。一部の実施形態では、共役脂質分子は、ＰＥＧ－脂質コンジュゲート、例えば、（メトキシポリエチレングリコール）共役脂質である。

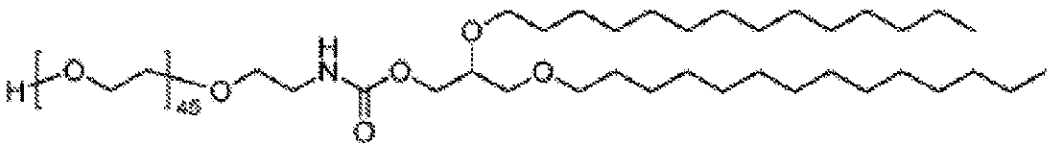
【１１７８】

例示的なＰＥＧ－脂質コンジュゲートとして、限定されないが、ＰＥＧ－ジアシルグリセロール（ＤＡＧ）（例えば、１－（モノメトキシ－ポリエチレングリコール）－２，３－ジミリストイルグリセロール（ＰＥＧ－ＤＭＧ））、ＰＥＧ－ジアルキルオキシプロピル（ＤＡＡ）、ＰＥＧ－リン脂質、ＰＥＧ－セラミド（Ｃｅｒ）、ペグ化ホスファチジルエタノールアミン（ＰＥＧ－ＰＥ）、１，２－ジミリストイル－ｓｎ－グリセロ、メトキシポリエチレングリコール（ＤＭＧ－ＰＥＧ－２Ｋ）、ＰＥＧコハク酸ジアシルグリセロール（ＰＥＧＳ－ＤＡＧ）（例えば、４－０－（２’，３’－ジ（テトラデカノイルオキシ）プロピル－１－０－（ｗ－メトキシ（ポリエトキシ）エチル）ブタンジオエート（ＰＥＧ－Ｓ－ＤＭＧ））、ＰＥＧジアルコキシプロピルカルバム、Ｎ－（カルボニル－１－メトキシポリエチレングリコール２０００）－１，２－ジステアロイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミンナトリウム塩又はそれらの混合物が挙げられる。別の例示的なＰＥＧ－脂質コンジュゲートは、例えば、米国特許第５，８８５，６ｌ３号明細書、米国特許第６，２８７，５９ｌ号明細書、米国特許出願公開第２００３／００７７８２９号明細書、米国特許出願公開第２００３／００７７８２９号明細書、米国特許出願公開第２００５／０１７５６８２号明細書、米国特許出願公開第２００８／００２００５８号明細書、米国特許出願公開第２０１１／０１１７１２５号明細書、米国特許出願公開第２０１０／０１３０５８８号明細書、米国特許出願公開第２０１６／０３７６２２４号明細書、米国特許出願公開第２０１７／０１１９９０４号明細書、及び米国特許出願公開第／０９９８２３号明細書に記載されており、これらは全て、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書（その内容は、全体が参照により本明細書に組み込まれる）の式ＩＩＩ、ＩＩＩ－ａ－Ｉ、ＩＩＩ－ａ－２、ＩＩＩ－ｂ－１、ＩＩＩ－ｂ－２の化合物である。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、米国特許出願公開第２０１５０３７６１１５号明細書又は米国特許出願公開第２０１６／０３７６２２４号明細書（いずれの内容も、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の式ＩＩのものである。一部の実施形態では、ＰＥＧ－ＤＡＡコンジュゲートは、例えば、ＰＥＧ－ジラウロイルオキシプロピル、ＰＥＧ－ジミリスチルオキシプロピル、ＰＥＧ－ジパルミチルオキシプロピル、又はＰＥＧ－ジステアリルオキシプロピルであり得る。ＰＥＧ－脂質は、以下：ＰＥＧ－ＤＭＧ、ＰＥＧ－ジラウリルグリセロール、ＰＥＧ－ジパルミトイルグリセロール、ＰＥＧ－ジステリルグリセロール、ＰＥＧ－ジラウリルグリカミド、ＰＥＧ－ジミリスチルグリカミド、ＰＥＧ－ジパルミトイルグリカミド、ＰＥＧ－ジステリルグリカミド、ＰＥＧ－コレステロール（ｌ－［８’－（コレスト－５－エン－３［β］－オキシ）カルボキサミド－３’，６’－ジオキサオクタニル］カルバモイル－［ω］－メチル－ポリ（エチレングリコール）、ＰＥＧ－ＤＭＢ（３，４－ジテトラデコキシルベンジル－［ω］－メチル－ポリ（エチレングリコール）エーテル）、及び１，２－ジミリストイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミン－Ｎ－［メトキシ（ポリエチレングリコール）－２０００］の１つ若しくは複数であり得る。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、ＰＥＧ－ＤＭＧ、１，２－ジミリストイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミン－Ｎ－［メトキシ（ポリエチレングリコール）－２０００］を含む。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、以下：

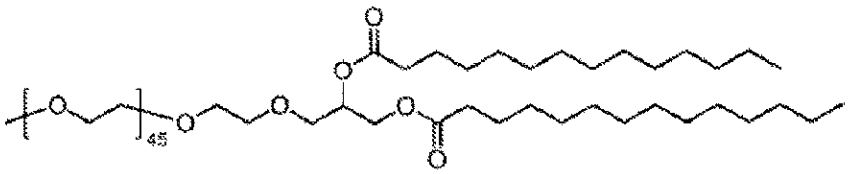
【化３０】



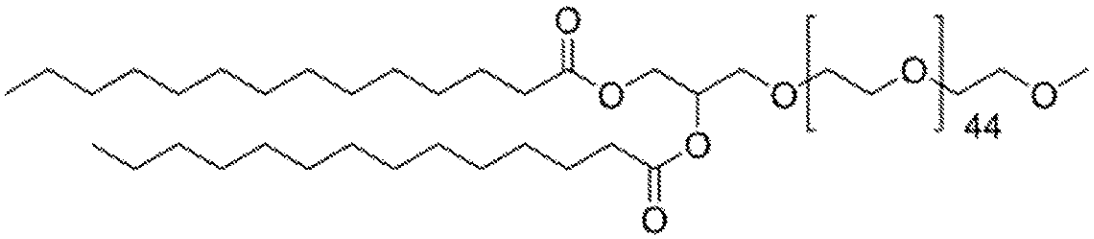
(xxii),



(xxiii),



(xxiv), 及び



(xxv)

から選択される構造を含む。

【１１７９】

一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質の代わりに、ＰＥＧ以外の分子と共役した脂質を使用することもできる。例えば、ＰＥＧ－脂質の代わりに、ポリオキサゾリン（ＰＯＺ）－脂質コンジュゲート、ポリアミド－脂質コンジュゲート（例えば、ＡＴＴＡ－脂質コンジュゲート）、及びカチオンポリマー脂質（ＧＰＬ）コンジュゲートを使用することができる。

【１１８０】

例示的な共役脂質、すなわちＰＥＧ－脂質、（ＰＯＺ）－脂質コンジュゲート、ＡＴＴＡ－脂質コンジュゲート、及びカチオンポリマー脂質は、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレットの表２及び国際公開第２０２０１０６９４６Ａ１号パンフレットに列挙されるＰＣＴ及びＬＩＳ特許出願に記載されており、これらの内容は全て、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１１８１】

一部の実施形態では、ＬＮＰは、式（ｘｉｘ）の化合物、式（ｘｘｉ）の化合物及び式（ｘｘｖ）の化合物を含む。一部の実施形態では、式（ｘｉｘ）、式（ｘｘｉ）及び式（ｘｘｖ）の製剤を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肺又は肺細胞に送達する。

【１１８２】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、式（ｉ）、式（ｉｉ）、式（ｉｉｉ）、式（ｖｉｉ）、及び式（ｉｘ）から選択される１つ又は複数のカチオン性脂質を含み得る。一部の実施形態では、ＬＮＰは、１つ又は複数の中性脂質、例えばＤＳＰＣ、ＤＰＰＣ、ＤＭＰＣ、ＤＯＰＣ、ＰＯＰＣ、ＤＯＰＥ、ＳＭ、ステロイド、例えばコレステロール及び／又は１つ又は複数のポリマーと共役した脂質、例えばＰＥＧ化脂質、例えばＰＥＧ－ＤＡＧ、ＰＥＧ－ＰＥ、ＰＥＧ－Ｓ－ＤＡＧ、ＰＥＧ－ｃｅｒ又はＰＥＧジアルコキシプロピルカルバメートを更に含む。

【１１８３】

一部の実施形態では、ＰＥＧ又は共役脂質は、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０～２０％（ｍｏｌ）を占め得る。一部の実施形態では、ＰＥＧ又は共役脂質の含有率は、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０．５～１０％又は２～５％（ｍｏｌ）である。イオン化性脂質、非カチオン脂質、ステロール、及びＰＥＧ／共役脂質のモル比は、必要に応じて変動し得る。例えば、脂質粒子は、組成物のモル又は総重量当たり３０～７０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり０～６０％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり０～３０％の非カチオン脂質と、組成物のモル又は総重量当たり１～１０％の共役脂質とを含み得る。好ましくは、組成物は、組成物のモル又は総重量当たり３０～４０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり４０～５０％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり１０～２０％の非カチオン脂質とを含む。一部の実施形態では、組成物は、組成物のモル又は総重量当たり５０～７５％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり２０～４０％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり５～１０％の非カチオン脂質と、組成物のモル又は総重量当たり１～１０％の共役脂質である。組成物は、組成物のモル又は総重量当たり６０～７０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり２５～３５％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり５～１０％の非カチオン脂質とを含み得る。組成物はまた、組成物のモル又は総重量当たり最大９０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり２～１５％の非カチオン脂質とを含み得る。製剤は、例えば、組成物のモル若しくは総重量当たり８～３０％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり５～３０％の非カチオン脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり０～２０％のコレステロールと；組成物のモル若しくは総重量当たり４～２５％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり４～２５％の非カチオン脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり２～２５％のコレステロールと、組成物のモル若しくは総重量当たり１０～３５％の共役脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり５％のコレステロール；又は組成物のモル若しくは総重量当たり２～３０％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり２～３０％の非カチオン脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり１～１５％のコレステロールと、組成物のモル若しくは総重量当たり２～３５％の共役脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり１～２０％のコレステロール；或いはまた組成物のモル若しくは総重量当たり最大９０％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり２～１０％の非カチオン脂質と、又は組成物のモル若しくは総重量当たり１００％のカチオン脂質でもあり得る。一部の実施形態では、脂質粒子製剤は、５０：１０：３８．５：１．５のモル比で、イオン化性脂質、リン脂質、コレステロール及びＰＥＧ化脂質を含む。一部の他の実施形態では、脂質粒子製剤は、６０：３８．５：１．５のモル比で、イオン化性脂質、コレステロール及びＰＥＧ化脂質を含む。

【１１８４】

一部の実施形態では、脂質粒子は、イオン化性脂質、非カチオン脂質（例えば、リン脂質）、ステロール（例えば、コレステロール）及びＰＥＧ化脂質を含み、ここで、脂質のモル比は、イオン化性脂質の場合、２０～７０モル％の範囲で、目標は４０～６０であり、非カチオン脂質のモルパーセントは、０～３０の範囲で、目標は０～１５、ステロールのモルパーセントは、２０～７０の範囲で、目標は３０～５０、ＰＥＧ化脂質のモルパーセントは、１～６の範囲で、目標は２～５である。

【１１８５】

一部の実施形態では、脂質粒子は、５０：１０：３８．５：１．５のモル比で、イオン化性脂質／非カチオン脂質／ステロール／共役脂質を含む。

【１１８６】

一態様では、本開示は、リン脂質、レシチン、ホスファチジルコリン及びホスファチジルエタノールアミンを含む脂質ナノ粒子製剤を提供する。

【１１８７】

一部の実施形態では、１つ又は複数の別の化合物を含有させることができる。そうした化合物は個別に投与することもできるし、又は追加的化合物を本発明の脂質ナノ粒子に含有させることもできる。言い換えれば、脂質ナノ粒子は、核酸又は最初の核酸と異なる少なくとも１つの第２の核酸に加えて、他の化合物を含有することができる。限定はしないが、他の追加的化合物は、以下：小若しくは大有機又は無機分子、単糖、二糖、三糖、オリゴ糖、多糖、ペプチド、タンパク質、ペプチド類似体及びその誘導体、ペプチド模倣物、核酸、核酸類似体及びその誘導体、生体材料から調製された抽出物、又はそれらの任意の組合せから選択することができる。

【１１８８】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子（又は脂質ナノ粒子を含む製剤）は、反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を欠いているか、又は予め選択されたレベル未満の反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を含む。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、脂質試薬を使用して脂質ナノ粒子製剤を作製し、脂質試薬は、混入反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を含み得る。脂質試薬は、予め選択されたレベル未満の反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を有することに基づいて、製造のために選択され得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、アルデヒドは、ＲＮＡの修飾及び損傷、例えば、塩基間の架橋及び／又は脂質のＲＮＡへの共有結合（例えば、脂質－ＲＮＡ付加物の形成）を引き起こし得る。これは、いくつかの事例では、逆転写酵素反応の失敗及び／又は不適切な塩基の組込み（例えば、損傷部位で）、例えば、新しく合成された標的ＤＮＡの変異につながる可能性がある。

【１１８９】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量を含む脂質試薬を使用して産生される。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む脂質試薬を使用して産生される。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、（ｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量；及び（ｉｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む、脂質試薬を使用して産生される。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、複数の脂質試薬を使用して産生され、複数の脂質試薬は各々独立して、この段落に記載された１つ又は複数の基準を満たす。一部の実施形態では、複数の各脂質試薬は、同じ基準、例えば、本段落の基準を満たす。

【１１９０】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量を含む。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は

、（ｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量；及び（ｉｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。

【１１９１】

一部の実施形態では、本明細書に記載の脂質ナノ粒子又はその製剤に使用される脂質試薬の１つ以上、又は任意選択で全ては、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量を含む。一部の実施形態では、本明細書に記載の脂質ナノ粒子又はその製剤に使用される脂質試薬の１つ以上、又は任意選択で全ては、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。一部の実施形態では、本明細書に記載の脂質ナノ粒子又はその製剤に使用される脂質試薬の１つ以上、又は任意選択で全ては、（ｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量；及び（ｉｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。

【１１９２】

一部の実施形態では、総アルデヒド含有量及び／又は任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種の量は、例えばタンデム質量分析（ＭＳ／ＭＳ）と組み合わせた、液体クロマトグラフィー（ＬＣ）により、例えばＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書の実施例４０に記載の方法に従って決定される。一部の実施形態では、反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量及び／又は反応性不純物（例えば、アルデヒド）種の量は、例えば脂質試薬中の、反応性不純物（例えば、アルデヒド）の存在に関連した、核酸分子（例えば、ＲＮＡ分子、例えば、本明細書に記載されるもの）の１つ又は複数の化学修飾を検出することによって決定される。一部の実施形態では、反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量及び／又は反応性不純物（例えば、アルデヒド）種の量は、例えば、ＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書の実施例４１に記載される方法に従い、例えば脂質試薬中の反応性不純物（例えば、アルデヒド）の存在に関連した、ヌクレオチド又はヌクレオシド（例えば、リボヌクレオチド又はリボヌクレオシド、例えば鋳型核酸に含まれるか、又は鋳型核酸から単離されたもの、例えば本明細書に記載されるもの）の１つ又は複数の化学修飾を検出することによって決定される。複数の実施形態では、核酸分子、ヌクレオチド、又はヌクレオシドの化学修飾は、例えば、ＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書の実施例４１に記載される方法に従って、例えば、ＬＣ－ＭＳ／ＭＳ分析を用いて、１つ又は複数の修飾ヌクレオチド又はヌクレオシドの存在を決定することによって検出される。

【１１９３】

一部の実施形態では、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）は、アルデヒド修飾を含まないか、又は予め選択された量未満のアルデヒド修飾を含む。一部の実施形態では、平均して、核酸は、１０００ヌクレオチドあたり５０、２０、１０、５、２、又は１未満のアルデヒド修飾を有し、例えば、２つのヌクレオチドの単一の架橋は単一のアルデヒド修飾である。一部の実施形態では、アルデヒド修飾はＲＮＡ付加（例えば、脂質ＲＮＡ付加）である。一部の実施形態では、アルデヒド修飾ヌクレオチドは、塩基間で架橋している。一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、ＲＮＡ）は、ヌクレオチド間に５０、２０、１０、５、２、又は１未満の架橋を含む。

【１１９４】

一部の実施形態では、ターゲティングドメインの付加により、ＬＮＰを特定の組織に指

向させる。例えば、生物学的リガンドをＬＮＰの表面に展示して、同種受容体を展示する細胞との相互作用を増強し、それにより上記受容体との結合並びに細胞が受容体を発現する組織へのカーゴ送達を駆動することができる。一部の実施形態では、生物学的リガンドは、肝臓への送達を駆動するリガンドであり得、例えば、ＧａｌＮＡｃを展示するＬＮＰは、アシアロ糖タンパク質受容体（ＡＳＧＰＲ）を展示する肝細胞に対する核酸カーゴの送達を達成する。Ａｋｉｎｃ ｅｔ ａｌ．Ｍｏｌ Ｔｈｅｒ １８（７）：１３５７－１３６４ ２０１０）の論文は、観察可能なＬＮＰカーゴ効果（例えば、その中の図６を参照）についてＡＳＧＰＲに依存的なＬＮＰを取得するためのＰＥＧ－脂質に対する三価ＧａｌＮＡｃリガンド（ＧａｌＮＡｃ－ＰＥＧ－ＤＳＧ）の共役を教示している。例えば、葉酸塩、トランスフェリン、又は抗体を含む他のリガンド展示ＬＮＰ製剤は、国際公開第２０１７２２３１３５号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）、更には、そこで使用される参照文献、すなわちＫｏｌｈａｔｋａｒ ｅｔ ａｌ．，Ｃｕｒｒ Ｄｒｕｇ Ｄｉｓｃｏｖ Ｔｅｃｈｎｏｌ．２０１１ ８：１９７－２０６；Ｍｕｓａｃｃｈｉｏ ａｎｄ Ｔｏｒｃｈｉｌｉｎ，Ｆｒｏｎｔ Ｂｉｏｓｃｉ．２０１１ １６：１３８８－１４１２；Ｙｕ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌ Ｍｅｍｂｒ Ｂｉｏｌ．２０１０ ２７：２８６－２９８；Ｐａｔｉｌ ｅｔ ａｌ．，Ｃｒｉｔ Ｒｅｖ Ｔｈｅｒ Ｄｒｕｇ Ｃａｒｒｉｅｒ Ｓｙｓｔ．２００８ ２５：１－６１；Ｂｅｎｏｉｔ ｅｔ ａｌ．，Ｂｉｏｍａｃｒｏｍｏｌｅｃｕｌｅｓ．２０１１ １２：２７０８－２７１４；Ｚｈａｏ ｅｔ ａｌ．，Ｅｘｐｅｒｔ Ｏｐｉｎ Ｄｒｕｇ Ｄｅｌｉｖ．２００８ ５：３０９－３１９；Ａｋｉｎｃ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌ Ｔｈｅｒ．２０１０ １８：１３５７－１３６４；Ｓｒｉｎｉｖａｓａｎ ｅｔ ａｌ．，Ｍｅｔｈｏｄｓ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ．２０１２ ８２０：１０５－１１６；Ｂｅｎ－Ａｒｉｅ ｅｔ ａｌ．，Ｍｅｔｈｏｄｓ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ．２０１２ ７５７：４９７－５０７；Ｐｅｅｒ ２０１０ Ｊ Ｃｏｎｔｒｏｌ Ｒｅｌｅａｓｅ．２０：６３－６８； Ｐｅｅｒ ｅｔ ａｌ．，Ｐｒｏｃ Ｎａｔｌ Ａｃａｄ Ｓｃｉ Ｕ Ｓ Ａ．２００７ １０４：４０９５－４１００；Ｋｉｍ ｅｔ ａｌ．，Ｍｅｔｈｏｄｓ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ．２０１１ ７２１：３３９－３５３；Ｓｕｂｒａｍａｎｙａ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌ Ｔｈｅｒ．２０１０ １８：２０２８－２０３７；Ｓｏｎｇ ｅｔ ａｌ．，Ｎａｔ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．２００５ ２３：７０９－７１７；Ｐｅｅｒ ｅｔ ａｌ．，Ｓｃｉｅｎｃｅ．２００８ ３１９：６２７－６３０；及びＰｅｅｒ ａｎｄ Ｌｉｅｂｅｒｍａｎ，Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．２０１１ １８：１１２７－１１３３で論じられている。

【１１９５】

一部の実施形態では、イオン化性脂質、両性リン脂質、コレステロール及びポリ（エチレングリコール）（ＰＥＧ）脂質などの伝統的成分を含む製剤に対するＳｅｌｅｃｔｉｖｅ ＯＲｇａｎ Ｔａｒｇｅｔｉｎｇ（ＳＯＲＴ）分子の添加により、組織特異的活性についてＬＮＰを選択する。Ｃｈｅｎｇ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｎａｎｏｔｅｃｈｎｏｌ １５（４）：３１３－３２０（２０２０）の教示は、補足的「ＳＯＲＴ」成分の添加により、インビボＲＮＡ送達プロファイルを厳密に改変し、ＳＯＲＴ分子のパーセンテージ及び生物物理学的特性に応じて組織特異的（例えば、肺、肝臓、脾臓）遺伝子送達を媒介することを実証している。

【１１９６】

一部の実施形態では、ＬＮＰは、生分解性、イオン化性脂質を含む。一部の実施形態では、ＬＮＰは、オクタデカ－９，１２－ジエン酸（９Ｚ，ｌ２Ｚ）－３－（（４，４－ビス（オクチルオキシ）ブタノイル）オキシ）－２－（（（（３－ジエチルアミノ）プロポキシ）カルボニル）オキシ）メチル）プロピルを含み、これは、（９Ｚ，ｌ２Ｚ）－オクタデカ－９，１２－ジエン酸）３－（（４，４－ビス（オクチルオキシ）ブタノイル）オキシ）－２－（（（（３－ジエチルアミノ）プロポキシ）カルボニル）オキシ）メチル）プロピルとも呼ばれる。例えば、国際公開第２０１９／０６７９９２号パンフレット、国際公開第２０１７／１７３０５４号パンフレット、国際公開第２０１５／０９５３４０号パンフレット及び国際公開第２０１４／１３６０８６号パンフレット並びにそこに記載さ

れる参照文献に記載の脂質を参照されたい。一部の実施形態では、ＬＮＰ脂質に関して、カチオン（性）及びイオン化性という用語は互換可能であり、例えば、イオン化性脂質は、ｐＨによってはカチオン性である。

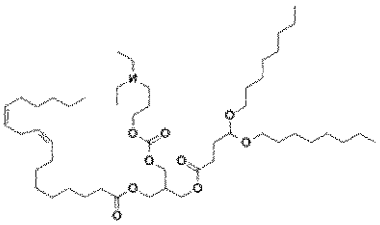
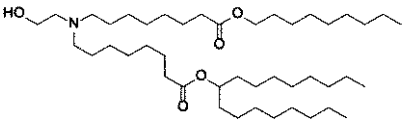
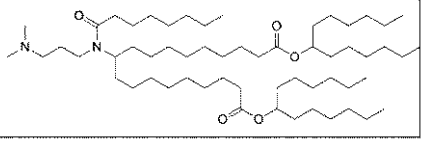
【１１９７】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるＬＮＰは、表１９に記載される脂質を含む。

【１１９８】

【表１９】

表 19. 例示的な脂質

| 脂質ID | 化学名 | 分子量 | 構造 |
|---|---|---|---|
| LIPIDV003 | (9Z,12Z)-3-((4,4-ビス(オクチルオキシ)ブタノイル)オキシ)-2-((((3-(ジエチルアミノ)プロポキシ)カルボニル)オキシ)メチル)プロピルオクタデカ-9, 12-ジエノエート | 852.29 |  |
| LIPIDV004 | ヘプタデカン-9-イル8-((2-ヒドロキシエチル)(8-(ノニルオキシ)-8-オキソオクチル)アミノ)オクタノエート | 710.18 |  |
| LIPIDV005 | | 919.56 |  |

【１１９９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムの複数の構成要素を単一のＬＮＰ製剤として調製し得、例えば、ＬＮＰ製剤は、遺伝子組換えポリペプチドコードするｍＲＮＡ及びＲＮＡ鋳型を含む。核酸成分の比は、治療薬の特性を最大にするために変動させ得る。一部の実施形態では、ＲＮＡ鋳型と、遺伝子組換えポリペプチドコードするｍＲＮＡの比は、モル比で約１：１～１００：１、例えば、約１：１～２０：１、約２０：１～４０：１、約４０：１～６０：１、約６０：１～８０：１、又は約８０：１～１００：１である。他の実施形態では、複数の核酸のシステムは、個別の製剤、例えば、鋳型ＲＮＡを含む１つのＬＮＰ製剤と、遺伝子組換えポリペプチドコードするｍＲＮＡを含む第２のＬＮＰ製剤により調製され得る。一部の実施形態では、システムは、ＬＮＰに製剤化された３つ以上の核酸成分を含み得る。一部の実施形態では、システムは、少なくとも１つのＬＮＰに製剤化された、タンパク質、例えば、遺伝子組換えシステム、及び鋳型ＲＮＡを含み得る。

【１２００】

一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、例えば、動的光散乱法（ＤＬＳ）により測定して、数１０ｎｍ～数１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約４０ｎｍ～約１５０ｎｍ、例えば、約４０ｎｍ、４５ｎｍ、５０ｎｍ、５５ｎｍ、６０ｎｍ、６５ｎｍ、７０ｎｍ、７５ｎｍ、８０ｎｍ、８５ｎｍ、９０ｎｍ、９５ｎｍ、１００ｎｍ、１０５ｎｍ、１１０ｎｍ、１１５ｎｍ、１２０ｎｍ、１２５ｎｍ、１３０ｎｍ、１３５ｎｍ、１４０ｎｍ、１４５ｎｍ又は１５０ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約５０ｎｍ～約１００ｎｍ、約５０ｎｍ～約９０ｎｍ、約５０ｎｍ～約８０ｎｍ、約５０ｎｍ～約７０ｎｍ、約５０ｎｍ～約６０ｎｍ、約６０ｎｍ～約１００ｎｍ、約６０ｎｍ～約９０ｎｍ、約６０ｎｍ～約８０ｎｍ、約６０ｎｍ～約７０ｎｍ、約７０ｎｍ～約１００ｎｍ、約７０ｎｍ～約９０ｎｍ、約

７０ｎｍ～約８０ｎｍ、約８０ｎｍ～約１００ｎｍ、約８０ｎｍ～約９０ｎｍ又は約９０ｎｍ～約１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約７０ｎｍ～約１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約８０ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約１ｍｍ～約５００ｍｍ、約５ｍｍ～約２００ｍｍ、約１０ｍｍ～約１００ｍｍ、約２０ｍｍ～約８０ｍｍ、約２５ｍｍ～約６０ｍｍ、約３０ｍｍ～約５５ｍｍ、約３５ｍｍ～約５０ｍｍ、又は約３８ｍｍ～約４２ｍｍの範囲である。

【１２０１】

ＬＮＰは、いくつかの事例では、比較的均質であり得る。多分散指数を用いて、ＬＮＰの均質性、例えば、脂質ナノ粒子の粒度分布を示すことができる。低い（例えば、０．３未満の）多分散指数は、概して、狭い粒度分布を示す。ＬＮＰは、約０～約０．２５、例えば、０．０１、０．０２、０．０３、０．０４、０．０５、０．０６、０．０７、０．０８、０．０９、０．１０、０．１１、０．１２、０．１３、０．１４、０．１５、０．１６、０．１７、０．１８、０．１９、０．２０、０．２１、０．２２、０．２３、０．２４、又は０．２５の多分散指数を有し得る。一部の実施形態では、ＬＮＰの多分散指数は、約０．１０～約０．２０であり得る。

【１２０２】

ＬＮＰのゼータ電位を用いて、組成物の界面動電位を示すことができる。一部の実施形態では、ゼータ電位は、ＬＮＰの表面電荷を表し得る。高度に荷電された種は、身体内の細胞、組織、及び他の要素と不必要に相互作用する可能性があるため、正又は負の比較的低い電荷を持つ脂質ナノ粒子が一般的に望ましい。一部の実施形態では、ＬＮＰのゼータ電位は、約－１０ｍＶ～約＋２０ｍＶ、約－１０ｍＶ～約＋１５ｍＶ、約－１０ｍＶ～約＋１０ｍＶ、約－１０ｍＶ～約＋５ｍＶ、約－１０ｍＶ～約０ｍＶ、約－１０ｍＶ～約－５ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋２０ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋１５ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋１０ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋５ｍＶ、約－５ｍＶ～約０ｍＶ、約０ｍＶ～約＋２０ｍＶ、約０ｍＶ～約＋１５ｍＶ、約０ｍＶ～約＋１０ｍＶ、約０ｍＶ～約＋５ｍＶ、約＋５ｍＶ～約２０ｍＶ、約＋５ｍＶ～約１５ｍＶ又は約＋５ｍＶ～約１０ｍＶであり得る。

【１２０３】

タンパク質及び／又は核酸、例えば、遺伝子組換えポリペプチド若しくはポリペプチドをコードするｍＲＮＡの封入の効率は、提供される初期量と比較して、封入されるか若しくは調製後にＬＮＰと結合されるタンパク質及び／又は核酸の量を表す。封入効率は、高い（例えば、１００％近く）のが望ましい。封入効率は、例えば、１若しくは複数種の溶媒又はデタージェントで脂質ナノ粒子を分解する前と後で、脂質ナノ粒子を含有する溶液中のタンパク質又は核酸の量を比較することにより、測定することができる。アニオン交換樹脂を用いて、溶液中の遊離タンパク質又は核酸（例えば、ＲＮＡ）の量を測定することができる。蛍光を用いて、溶液中の遊離タンパク質又は核酸（例えば、ＲＮＡ）の量を測定することができる。本明細書に記載の脂質ナノ粒子の場合、タンパク質及び／又は核酸の封入効率は、少なくとも５０％、例えば、５０％、５５％、６０％、６５％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９１％、９２％、９３％、９４％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％であり得る。一部の実施形態では、封入効率は、少なくとも８０％であり得る。一部の実施形態では、封入効率は、少なくとも９０％であり得る。一部の実施形態では、封入効率は、少なくとも９５％であり得る。

【１２０４】

ＬＮＰは、任意選択で、１つ又は複数のコーティングを含み得る。一部の実施形態では、ＬＮＰは、コーティングを有するカプセル、フィルム又は錠剤に製剤化され得る。本明細書に記載の組成物を含むカプセル、フィルム又は錠剤は、任意の有用なサイズ、引張強度、硬度若しくは密度を有し得る。

【１２０５】

ＬＮＰの更に別の例示的な脂質、製剤、方法、及び特性決定は、国際公開第２０２００

６１４５７号パンフレットに教示されており、これは、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１２０６】

一部の実施形態では、Ｌｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ＭｅｓｓｅｎｇｅｒＭａｘ（Ｔｈｅｒｍｏ Ｆｉｓｈｅｒ）又はＴｒａｎｓＩＴ－ｍＲＮＡ Ｔｒａｎｓｆｅｃｔｉｏｎ Ｒｅａｇｅｎｔ（Ｍｉｒｕｓ Ｂｉｏ）を用いて、インビトロ又はエクスビボ細胞リポフェクションを実施する。特定の実施形態では、ＧｅｎＶｏｙ＿ＩＬＭ ｉｏｎｉｚａｂｌｅ ｌｉｐｉｄ ｍｉｘ（Ｐｒｅｃｉｓｉｏｎ ＮａｎｏＳｙｓｔｅｍｓ）を用いて、ＬＮＰを製剤化する。特定の実施形態では、ＬＮＰは、２，２－ジリノレイル－４－ジメチルアミノエチル－［１，３］－ジオキソラン（ＤＬｉｎ－ＫＣ２‐ＤＭＡ）又はジリノレイルメチル－４－ジメチルアミノ酪酸塩（ＤＬｉｎ－ＭＣ３－ＤＭＡ若しくはＭＣ３）を用いて、ＬＮＰを製剤化するが、その製剤及びインビボでの使用については、Ｊａｙａｒａｍａｎ ｅｔ ａｌ．Ａｎｇｅｗ Ｃｈｅｍ Ｉｎｔ Ｅｄ Ｅｎｇｌ ５１（３４）：８５２９－８５３３（２０１２）に教示されており、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１２０７】

ＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓシステム、例えば、Ｃａｓ９－ｇＲＮＡ ＲＮＰ、ｇＲＮＡ、Ｃａｓ９ ｍＲＮＡの送達のために最適化されたＬＮＰ製剤は、国際公開第２０１９０６７９９２号パンフレット及び国際公開第２０１９０６７９１０号パンフレットに記載されており、そのいずれも参照により本明細書に組み込まれる。

【１２０８】

核酸の送達に有用な別の具体的なＬＮＰ製剤は、米国特許第８１５８６０１号明細書及び米国特許第８１６８７７５号明細書（そのいずれも参照により本明細書に組み込まれる）に記載されており、これは、ＯＮＰＡＴＴＲＯの名称で販売されているパチシランに使用される製剤を含む。

【１２０９】

遺伝子組換えＬＮＰの例示的な用量としては、約０．１、０．２５、０．３、０．５、１、２、３、４、５、６、８、１０、又は１００ ｍｇ／ｋｇ（ＲＮＡ）を挙げることができる。システムの１つ若しくは複数の成分をコードする核酸を含むＡＡＶの例示的な用量としては、約$10^{11}$、$10^{12}$、$10^{13}$、及び$10^{14}$ｖｇ／ｋｇのＭＯＩを挙げることができる。

【１２１０】

キット、製品、及び医薬組成物

一態様では、本開示は、例えば、本明細書に記載される、遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えシステムを含むキットを提供する。一部の実施形態では、キットは、遺伝子組換えポリペプチド（又はポリペプチドをコードする核酸）及び鋳型ＲＮＡ（又は鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ）を含む。一部の実施形態では、キットは、細胞にシステムを導入するための試薬、例えば、トランスフェクション試薬、ＬＮＰなどを更に含む。一部の実施形態では、キットは、本明細書に記載される方法のいずれかに好適である。一部の実施形態では、キットは、例えば、製品内に配置されるような、１つ若しくは複数のエレメント、組成物（例えば、医薬組成物）、遺伝子組換えポリペプチド、及び／又は遺伝子組換えシステム又はその機能的フラグメント若しくは成分を含む。一部の実施形態では、キットは、その使用説明書を含む。

【１２１１】

一態様では、本開示は、製品、例えば、その中に本明細書に記載されるキット、又はその要素が配置される製品を提供する。

【１２１２】

一態様では、本開示は、例えば、本明細書に記載される、遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えシステムを含む医薬組成物を提供する。一部の実施形態では、医薬組成物は、薬学的に許容される担体又は賦形剤を更に含む。一部の実施形態では、医薬組成物は

、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡを含む。複数の実施形態では、医薬組成物は、以下の特徴の１つ又は複数（例えば、１、２、３若しくは４つ）を有する：

（ａ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）のＤＮＡ鋳型；

（ｂ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の非キャップＲＮＡ；

（ｃ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の部分長ＲＮＡ；

（ｄ）未反応キャップジヌクレオチドを実質的に含まない。

【１２１３】

化学、製造、及び制御（ＣＭＣ）

タンパク質治療薬の精製は、例えば、Ｆｒａｎｋｓ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｉｓｏｌａｔｉｏｎ，Ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚａｔｉｏｎ，ａｎｄ Ｓｔａｂｉｌｉｚａｔｉｏｎ，Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１３）；及びＣｕｔｌｅｒ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｐｕｒｉｆｉｃａｔｉｏｎ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ（Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ），Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１０）に記載されている。

【１２１４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、特定の品質基準を満たす。一部の実施形態では、本明細書に記載される方法により生産された遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、特定の品質基準を満たす。従って、本開示は、いくつかの態様では、例えば、前記品質基準が検定される、特定の品質基準を満たす遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）を製造する方法に関する。本開示は、いくつかの態様では、遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）で前記品質基準を検定する方法にも関する。一部の実施形態では、品質基準として、限定はしないが、以下の１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１又は１２）が挙げられる：

（ｉ）鋳型ＲＮＡの長さ、例えば、鋳型ＲＮＡが、標準長さを超えるか、又は標準長さ範囲内の長さを有するか否か、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、１００、１２５、１５０、１７５若しくは２００ヌクレオチド長を超えるか否か；

（ｉｉ）鋳型ＲＮＡ上のポリＡテールの存在、非存在、及び／又は長さ、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、ポリＡテール（例えば、少なくとも５、１０、２０、３０、５０、７０、１００ヌクレオチド長のポリＡテール）を含むか否か；

（ｉｉｉ）鋳型ＲＮＡ上の５’キャップの存在、非存在、及び／又は種類、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、５’キャップを含むか否か、例えば、上記キャップが、７－メチルグアノシンキャップ、例えば、Ｏ－Ｍｅ－ｍ７Ｇキャップであるか否か；

（ｉｖ）鋳型ＲＮＡ中の１つ若しくは複数の修飾ヌクレオチド（例えば、プソイドウリジン、ジヒドロウリジン、イノシン、７－メチルグアノシン、１－Ｎ－メチルプソイドウリジン（１－Ｍｅ－Ψ）、５－メトキシウリジン（５－ＭＯ－Ｕ）、５－メチルシチジン（５ｍＣ）、又はロックドヌクレオチドから選択される）の存在、非存在、及び／又は種類、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、１つ又は複数の修飾ヌクレオチドを含むか否か；

（ｖ）鋳型ＲＮＡの安定性（例えば、時間経過による及び／若しくは予め選択した条件下で）、例えば、鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、安定性試験の後、インタクトなままである（例えば、１００、１２５、１５０、１７５、又は２００ヌクレオチド長を超える）か否か；

（ｖｉ）ＤＮＡを修飾するためのシステム中の鋳型ＲＮＡの効力、例えば、鋳型ＲＮＡを含むシステムを効力について検定した後に、標的部位の少なくとも１％が修飾されているか否か；

（ｖｉｉ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの長さ、例えば、ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドが、標準長さを超えるか、又は標準長さ範囲内の長さを有するか否か、例えば、存在するポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、６００、６５０、７００、７５０、８００、８５０、９００、９５０、１０００、１０５０、１１００、１１５０、１２００、１２５０、１３００、１３５０、１４００、１４５０、１５００、１６００、１７００、１８００、１９００若しくは２０００アミノ酸長を超える（且つ任意選択で、２５００、２０００、１５００、１４００、１３００、１２００、１１００、１０００、９００、８００、７００若しくは６００アミノ酸長以下である）か否か；

（ｖｉｉｉ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドに対する翻訳後修飾の存在、非存在、及び／又は種類、例えば、ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０、８５、９０、９５、９６、９７、９８若しくは９９％が、リン酸化、メチル化、アセチル化、ミリストイル化、パルミトイル化、イソプレニル化、グリピヤチヨン若しくはリポイル化又はそれらの任意の組合せを含むか否か；

（ｉｘ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチド中の１つ若しくは複数の人工、合成、又は非標準アミノ酸（例えば、オルニチン、β－アラニン、ＧＡＢＡ、δ－アミノレブリン酸、ＰＡＢＡ、Ｄ－アミノ酸（例えば、Ｄ－アラニン若しくはＤ－グルタミン酸）、アミノイソ酪酸、デヒドロアラニン、シスタチオニン、ランチオニン、ジェンコル酸、ジアミノピメリン酸、ホモアラニン、ノルバリン、ノルロイシン、ホモノルロイシン、ホモセリン、Ｏ－メチル－ホモセリン及びＯ－エチル－ホモセリン、エチオニン、セレノシステイン、セレノホモシステイン、セレノメチオニン、セレノエチオニン、テルロシステイン若しくはテルロメチオニンから選択される）の存在、非存在、及び／又は種類、例えば、存在するポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、１つ又は複数の人工、合成、又は非標準アミノ酸を含むか否か；

（ｘ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの安定性（例えば、時間経過による及び／若しくは予め選択した条件下で）、例えば、ｗｈｅｔｈｅｒポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、安定性試験の後に、インタクトなままである（例えば、６００、６５０、７００、７５０、８００、８５０、９００、９５０、１０００、１０５０、１１００、１１５０、１２００、１２５０、１３００、１３５０、１４００、１４５０、１５００、１６００、１７００、１８００、１９００若しくは２０００アミノ酸長を超える（且つ任意選択で、２５００、２０００、１５００、１４００、１３００、１２００、１１００、１０００、９００、８００、７００若しくは６００アミノ酸長以下である））か否か；

（ｘｉ）ＤＮＡを修飾するためのシステム中のポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの効力、例えば、ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドを含むシステムを効力について検定した後に、標的部位の少なくとも１％が修飾されているか否か；又は

（ｘｉｉ）パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、又は宿主細胞タンパク質の１つ又は複数の存在、非存在、及び／若しくはレベル、例えば、システムが、パイロジェ

ン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、又は宿主細胞タンパク質混入を含まないか若しくは実質的に含まないか否か。

【１２１５】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステム又は医薬組成物は、エンドトキシンを含まない。

【１２１６】

一部の実施形態では、パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、及び／又は宿主細胞タンパク質の１つ又は複数の存在、非存在、及び／若しくはレベルが決定される。複数の実施形態では、システムが、パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、及び／又は宿主細胞タンパク質混入を含まないか若しくは実質的に含まないか否かが決定される。

【１２１７】

一部の実施形態では、本明細書に記載される医薬組成物又はシステムは、以下の特徴１つ又は複数（例えば、１、２、３若しくは４つ）を有する：

（ａ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）のＤＮＡ鋳型；

（ｂ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の非キャップＲＮＡ；

（ｃ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の部分長ＲＮＡ；

（ｄ）未反応キャップジヌクレオチドを実質的に含まない。

【実施例】

【１２１８】

実施例１：ヒト細胞におけるＧＦＰ／ＢＦＰアッセイを用いた遺伝子編集ポリペプチドの活性の定量化

この実施例は、例示的な遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡを含有する遺伝子組換えシステムの使用を説明する。この実施例では、鋳型ＲＮＡは、以下を含有する：

（１）ｇＲＮＡスペーサー；

（２）ｇＲＮＡスカフォールド；

（３）異種目的配列；及び

（４）プライマー結合部位（ＰＢＳ）配列。

【１２１９】

より具体的には、鋳型ＲＮＡは、以下の配列：ＧＣＣＧＡＡＧＣＡＣＴＧＣＡＣＧＣＣＧＴＧＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣＡＣＣＣＴＧＡＣＧＴＡＣＧＧＣＧＴＧＣＡＧＴＧＣＴＴ（配列番号１１，０１０）を含む。

【１２２０】

所与の遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載されるもの）及び鋳型ＲＮＡを含む遺伝子組換えシステムが、ＨＥＫ２９３Ｔ　ＢＦＰ発現細胞株中にトランスフェクトされる。遺伝子組換えポリペプチド及び鋳型ＲＮＡは、ＤＮＡ形式におけるヌクレオフェクションによって送達される。具体的には、８００ｎｇの遺伝子組換えポリペプチドプラスミドＤＮＡが、プラスミド形式で２００ｎｇの鋳型ＲＮＡと組み合わされる。プラスミドＤＮＡ形式における組換えポリペプチド及び鋳型ＲＮＡが、２５０，０００個のＨＥＫ２９３Ｔ　ＢＦＰ発現細胞を含有する２５μＬのＳＦ緩衝液に加えられ、細胞が、プログラムＤＳ－１５０を用いてヌクレオフェクトされる。ヌクレオフェクションの後、細胞が、細胞溶解及びゲノムＤＮＡ抽出の前の３日間にわたって、３７℃、５％の$CO_2$で

成長される。遺伝子編集活性を分析するために、ＢＦＰ遺伝子座に隣接するプライマーを用いて、遺伝子座にわたって増幅することができる。アンプリコンが、ＩｌｌｕｍｉｎａＭｉＳｅｑを用いてショートリード配列決定によって分析される。ＢＦＰ遺伝子配列の、ＧＦＰ遺伝子配列への変換は、成功した編集を示す。一部の実施形態では、アッセイは、サンプル中のＢＦＰ遺伝子のコピーの少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、又は７０％が、ＧＦＰ遺伝子に変換されることを示すであろう。

【１２２１】

実施例２：ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞におけるプールスクリーニングによる遺伝子組換えポリペプチド選択

この実施例は、ヒトゲノムにおけるコード配列の標的化編集のためのＲＮＡ遺伝子組換えシステムの使用を説明する。より具体的には、この実施例は、例えば、プールスクリーニング手法により、ヒト細胞内の編集活性について新規な遺伝子組換えポリペプチドを評価する手段としての、遺伝子組換え候補のライブラリーによるＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞の感染、続いて、細胞内のインビトロ遺伝子組換えのための鋳型ガイドＲＮＡ（ｔｇＲＮＡ）のトランスフェクションを説明する。

【１２２２】

本明細書においてアッセイされる遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補はそれぞれ、以下を含む：１）１つのエンドヌクレアーゼ活性部位を不活性化するＮ８６３Ａ突然変異を含有する化膿レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｐｙｏｇｅｎｅｓ）（化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）；Ｓｐｙ）Ｃａｓ９ニッカーゼ；２）表１０に示される１２２のペプチドリンカーの１つ；及び３）レトロウイルス由来の表６からの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン。用いられる特定のレトロウイルスＲＴドメインは、それらがモノマーとして機能することが予想される場合に選択された。各選択されたＲＴドメインについて、野生型配列並びに一次野生型配列に導入された点突然変異を有する形態が試験された。特に、野生型であるか又は様々な突然変異を含む１４３のＲＴドメインが、表２に列挙される例示的なＲＴドメインに基づいて試験された（図２Ａ）。合計で、１７，４４６のＣａｓ－リンカー－ＲＴ遺伝子組換えポリペプチド（この実験に関して、個々の要素又は候補とも呼ばれる）が試験された。本開示のＲＴドメインは、ファミリー（各「ＲＴファミリー」）に分類され得、各ＲＴファミリーは、レトロウイルス由来の野生型又は参照ＲＴ配列及びそのＲＴ野生型又は参照配列の任意の変異体、例えば、参照ＲＴ配列と比べて１つ又は複数のアミノ酸差を含むＲＴ配列を含む。従って、ＲＴファミリー候補は、本明細書で使用される場合、上記の全ての遺伝子組換えポリペプチド候補を指し、ＲＴ配列は、同定されたＲＴファミリーから選択される。

【１２２３】

本明細書に記載されるシステムは、１）レンチウイルスカセット内のヒトコドン最適化遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補をコードする発現プラスミド、及び２）Ｃａｓによって認識され、それを目的のゲノム遺伝子座に局在化し、またＵ６プロモータによって駆動されるＲＴドメインによって所望の編集の逆転写をゲノムに鋳型化するノンコーディングｔｇＲＮＡ配列を発現するｔｇＲＮＡ発現プラスミドを含む２成分システムである。レンチウイルスカセットは、（ｉ）哺乳動物細胞内の発現のためのＣＭＶプロモータ；（ｉｉ）示されるような遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補；（ｉｉｉ）自己切断Ｔ２Ａポリペプチド；（ｉｖ）哺乳動物細胞における選択を可能にするピューロマイシン耐性遺伝子；及び（ｖ）ポリＡテール終結シグナルを含む。

【１２２４】

遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補を発現する細胞のプールを調製するために、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞に、遺伝子組換え候補プラスミドライブラリーのプールされたレンチウイルス調製物を形質導入した。ＨＥＫ２９３ Ｌｅｎｔｉ－Ｘ細胞を、レンチウイルスプラスミドトランスフェクションの前に、１５ｃｍプレートに播種した（$12\times10^{6}$個の細胞）。Ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ Ｐａｃｋａｇｉｎｇ Ｍｉｘ（Ｂｉｏｓｅｔｔｉａ、２７ｕｇ）及び遺伝子組換え候補ライブラリーのためのプラスミドＤＮＡ

（２７ｕｇ）を用いたレンチウイルスプラスミドトランスフェクションを、製造業者のプロトコルに従って、Ｌｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ２０００及びＯｐｔｉ－ＭＥＭ培地を用いて、翌日に行った。細胞外ＤＮＡを、翌日、完全な培地交換によって除去し、ウイルス含有培地を、４８時間後に収集した。レンチウイルス培地を、Ｌｅｎｔｉ－Ｘ Ｃｏｎｃｅｎｔｒａｔｏｒ（ＴａＫａＲａ Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）を用いて濃縮し、５ｍＬのレンチウイルスアリコートを作製し、－８０℃で貯蔵した。レンチウイルス力価測定を、ピューロマイシン選択後にコロニー形成単位を計数することによって行った。ＢＦＰ発現ゲノムランディングパッドを担持するＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞を、培養プレート中６×１０$^{7}$個の細胞で播種し、細胞当たりの多重感染を最小限に抑えるために０．３感染多重度（ＭＯＩ）で形質導入した。ピューロマイシン（２．５ｕｇ／ｍＬ）を、感染細胞の選択を可能にするために、感染の４８時間後に加えた。細胞を、少なくとも７日間にわたってピューロマイシン選択下に置き、次に、ｔｇＲＮＡエレクトロポレーションのためにスケールアップした。

【１２２５】

アッセイにおける遺伝子組換えライブラリー候補のゲノム編集能力を決定するために、次に、感染されたＢＦＰ発現ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞を、ライブラリー候補につき＞１０００×カバレージのために十分な細胞数で、ＢＦＰをＧＦＰに変換するように設計された２００ｎｇのｔｇＲＮＡ（ｇ４又はｇ１０のいずれか）プラスミドによる、２５０，０００個の細胞／ウェルのエレクトロポレーションによってトランスフェクトした。

【１２２６】

ｇ４ ｔｇＲＮＡ（５’－３’）は、以下のとおりである：２０ヌクレオチドスペーサー領域（ＧＣＣＧＡＡＧＣＡＣＴＧＣＡＣＧＣＣＧＴ；配列番号１１，０１１）、スカフォールド領域（ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣ；配列番号１１，０１２）、ＢＦＰをＧＦＰに変化させる単一の塩基対置換（太字）及び機能遺伝子組換え反応の完了時に遺伝子組換えポリペプチドの再エンゲージメントを防ぐＳｐｙＣａｓ９ ＰＡＭ（ＮＧＧからＮＣＧ）における同義点突然変異を導入するＰＡＭ不活性化（下線）をコードする鋳型領域（

【化３１】

(ACCCTGACGTACG; 配列番号 11,013)

）、及び１３ヌクレオチドＰＢＳ（ＧＣＧＴＧＣＡＧＴＧＣＴＴ；配列番号１１，０１４）。

【１２２７】

同様に、ｇ１０ ｔｇＲＮＡ（５’－３’）は、以下のとおりである：２０ヌクレオチドスペーサー領域（ＡＧＡＡＧＴＣＧＴＧＣＴＧＣＴＴＣＡＴＧ；配列番号１１，０１５）、スカフォールド領域（ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣ；配列番号１１，０１６）、ＢＦＰをＧＦＰに変化させる単一の塩基対置換（太字）及び機能遺伝子組換え反応の完了時に遺伝子組換えポリペプチドの再エンゲージメントを防ぐＳｐｙＣａｓ９ ＰＡＭ（ＮＧＧからＮＧＡ）における同義点突然変異を導入するＰＡＭ不活性化（下線）をコードする鋳型領域（

【化３２】

(ACCCTGACCTACGGCGTGCAGTGCTTCGGCCGCTACCCCGATCACAT; 配列番号 11,017)

）、及び１３ヌクレオチドＰＢＳ（ＧＡＡＧＣＡＧＣＡＣＧＡＣ；配列番号１１，０１８）。

【１２２８】

アッセイにおいて様々な構築物のゲノム編集能力を評価するために、細胞を、エレクトロポレーションの６～７日後に、ＧＦＰ発現のために蛍光活性化細胞ソーティング（Ｆｌ

ｕｏｒｅｓｃｅｎｃｅ－Ａｃｔｉｖａｔｅｄ Ｃｅｌｌ Ｓｏｒｔｉｎｇ）（ＦＡＣＳ）によってソートした。細胞をソートし、非編集（ＢＦＰ＋）細胞、編集（ＧＦＰ＋）細胞及び不完全な編集（ＢＦＰ－、ＧＦＰ－）細胞の異なる集団として収集した（図３）。非ソート細胞のサンプルも、分析中の富化を決定するために、入力集団として収集した。

【１２２９】

どの遺伝子組換えライブラリー候補が、このアッセイにおいてゲノム編集能力を有するかを決定するために、ゲノムＤＮＡ（ｇＤＮＡ）を、ソート及び非ソート細胞集団から収集し、各集団における遺伝子組換えライブラリー候補をシーケンシングすることによって分析した。簡潔に述べると、遺伝子組換え配列を、レンチウイルスカセットに特異的なプライマーを用いてゲノムから増幅し、ゲノムＤＮＡを希釈するために第２回のＰＣＲにおいて増幅し、次に、製造業者のプロトコルに従って、Ｏｘｆｏｒｄ Ｎａｎｏｐｏｒｅ Ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙを用いてシーケンシングした。

【１２３０】

シーケンシングリードの品質管理の後、少なくとも１５００且つ３２００ヌクレオチド以下のリードを、遺伝子組換えポリペプチドライブラリー配列にマップし、ライブラリー配列との最小で８０％の一致を含むものが、所与の候補と問題なく整列されたと見なされた。アッセイにおいて遺伝子編集を行うことが可能な遺伝子組換え候補を同定するために、編集された集団における各ライブラリー候補のリードカウントを、最初の非ソート集団におけるそのリードカウントと比較した。このプールされたスクリーンのために、ゲノム編集能力を有する遺伝子組換え候補を、非ソート（入力）細胞と比べて変換された（ＧＦＰ＋）集団において富化された候補として選択し、富化は、参照（実施例７に記載されるエレメントＩＤ番号：１７３８０）の富化レベルであるか又はそれを超えると決定された。

【１２３１】

多数の遺伝子組換えポリペプチド候補が、ＧＦＰ＋細胞集団において富化されていることが決定された。例えば、試験された１７，４４６の候補のうち、３，３００超が（非ソートと比べて）ＧＦＰ＋ソート集団において富化を示し、これは、表１に示される、同様の実験条件（ｇ４ ｔｇＲＮＡを用いたＨＥＫ２９３Ｔ；ｇ１０ ｔｇＲＮＡを用いたＨＥＫ２９３Ｔ細胞；又はｇ４ ｔｇＲＮＡを用いたＵ２ＯＳ細胞）下の参照のものと少なくとも同等であった。１７，４４６の候補は、ｇ１０ ｔｇＲＮＡを用いたＵ２ＯＳ細胞でも試験されたが、プールされたスクリーンでは、その実験条件下における非ソート（入力）細胞と比べて、変換された（ＧＦＰ＋）集団において富化された候補を得られなかった。試験される遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットが、更なる分析のために選択された（表Ａ１に列挙されるアミノ酸配列）。

【１２３２】

【表１－１】

表1. スクリーニングされるリンカー及びRT配列の組合せ。この表中の各RTのアミノ酸配列は、表6に示される。

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGSS | 12,001 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１２３３】

【表１－２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,002 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAK | 12,003 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 12,004 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,005 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGEAAAK | 12,006 | MLVAV_P03356_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,007 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,008 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,009 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,010 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,011 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,012 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,013 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,014 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,015 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,016 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,017 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,018 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,019 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,020 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAP | 12,021 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGGSS | 12,022 | WMSV_P03359_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,023 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,024 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 12,025 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 12,026 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGPAPGSS | 12,027 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,028 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,029 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSPAP | 12,030 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,031 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,032 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,033 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 12,034 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,035 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,036 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 12,037 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,038 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,039 | MLVCB_P08361_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,040 | WMSV_P03359_3mutA |

【１２３４】

【表１－３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSS | 12,041 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 12,042 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPEAAAK | 12,043 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,044 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,045 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,046 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 12,047 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAP | 12,048 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,049 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,050 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAP | 12,051 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,052 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,053 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAPGSS | 12,054 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,055 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,056 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,057 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 12,058 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,059 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGGS | 12,060 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAP | 12,061 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 12,062 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,063 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAP | 12,064 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAK | 12,065 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSPAP | 12,066 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,067 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKGGG | 12,068 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,069 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,070 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,071 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,072 | AVIRE_P03360_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,073 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,074 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,075 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,076 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,077 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 12,078 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,079 | XMRV6_A1Z651_3mutA |

【１２３５】

【表１－４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 12,080 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 12,081 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,082 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,083 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 12,084 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,085 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,086 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,087 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSS | 12,088 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,089 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSS | 12,090 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,091 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 12,092 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 12,093 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,094 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,095 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,096 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSPAP | 12,097 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,098 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,099 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAK | 12,100 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,101 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAPGGS | 12,102 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 12,103 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGS | 12,104 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSS | 12,105 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,106 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,107 | FLV_P10273_3mutA |
| GSS | 12,108 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,109 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGG | 12,110 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,111 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,112 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSEAAAKPAP | 12,113 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,114 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,115 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,116 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGPAPGSS | 12,117 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGS | 12,118 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２３６】

【表１－５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,119 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,120 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,121 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAP | 12,122 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,123 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,124 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 12,125 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,126 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,127 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,128 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,129 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGPAP | 12,130 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,131 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,132 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 12,133 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,134 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGPAPGGS | 12,135 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,136 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,137 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,138 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,139 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 12,140 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,141 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSSEAAAK | 12,142 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 12,143 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,144 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGGSGSS | 12,145 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,146 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,147 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 12,148 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSGGG | 12,149 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,150 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGGG | 12,151 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,152 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGPAPGGS | 12,153 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 12,154 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,155 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,156 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,157 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２３７】

【表１－６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAP | 12,158 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGGS | 12,159 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,160 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 12,161 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,162 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,163 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGG | 12,164 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGPAPGSS | 12,165 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,166 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,167 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,168 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAK | 12,169 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,170 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGGEAAAK | 12,171 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,172 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAPGGS | 12,173 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGGPAP | 12,174 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAK | 12,175 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSS | 12,176 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGSGGS | 12,177 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,178 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,179 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 12,180 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,181 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 12,182 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKPAP | 12,183 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 12,184 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,185 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 12,186 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSPAPGGG | 12,187 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,188 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAK | 12,189 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 12,190 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,191 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 12,192 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,193 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 12,194 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,195 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,196 | MLVFF_P26809_3mutA |

【１２３８】

【表１－７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,197 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGG | 12,198 | AVIRE_P03360_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,199 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,200 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAK | 12,201 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,202 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGPAP | 12,203 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKPAP | 12,204 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,205 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,206 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGGG | 12,207 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSGGG | 12,208 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,209 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 12,210 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,211 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 12,212 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,213 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 12,214 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,215 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,216 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,217 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,218 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGGG | 12,219 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSGGG | 12,220 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 12,221 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,222 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,223 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,224 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 12,225 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGSSGGG | 12,226 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 12,227 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,228 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,229 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,230 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,231 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,232 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 12,233 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,234 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSGGG | 12,235 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２３９】

【表１－８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGSGSS | 12,236 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGG | 12,237 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,238 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,239 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,240 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPEAAAK | 12,241 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,242 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAP | 12,243 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSS | 12,244 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 12,245 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,246 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 12,247 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,248 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,249 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSGSS | 12,250 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGGPAP | 12,251 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,252 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,253 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSPAP | 12,254 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGGPAP | 12,255 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,256 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 12,257 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGGGGS | 12,258 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,259 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGGSGSS | 12,260 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 12,261 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGG | 12,262 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAP | 12,263 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,264 | SFV3L_P27401_2mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,265 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,266 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,267 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 12,268 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAP | 12,269 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,270 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAP | 12,271 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAP | 12,272 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGG | 12,273 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGS | 12,274 | MLVFF_P26809_3mutA |

【１２４０】

【表１－９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAP | 12,275 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,276 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,277 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGS | 12,278 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,279 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,280 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGS | 12,281 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,282 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,283 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,284 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSS | 12,285 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 12,286 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSS | 12,287 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGG | 12,288 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAK | 12,289 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,290 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 12,291 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,292 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,293 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,294 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSS | 12,295 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,296 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,297 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGG | 12,298 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,299 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPAP | 12,300 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,301 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPGGG | 12,302 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGPAP | 12,303 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPEAAAK | 12,304 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGEAAAK | 12,305 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSSGGS | 12,306 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,307 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,308 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 12,309 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,310 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,311 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGS | 12,312 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,313 | XMRV6_A1Z651_3mutA |

【１２４１】

【表１－１０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGSSPAP | 12,314 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,315 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,316 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,317 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,318 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,319 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGSGGS | 12,320 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,321 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSS | 12,322 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 12,323 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAPGGS | 12,324 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSS | 12,325 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,326 | MLVFF_P26809_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 12,327 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 12,328 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,329 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,330 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGS | 12,331 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,332 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,333 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 12,334 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,335 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSEAAAK | 12,336 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKGGG | 12,337 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGS | 12,338 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGGG | 12,339 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,340 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGS | 12,341 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,342 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 12,343 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 12,344 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 12,345 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGGS | 12,346 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 12,347 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,348 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,349 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,350 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGSS | 12,351 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGS | 12,352 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２４２】

【表１－１１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPGGSGSS | 12,353 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,354 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAP | 12,355 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGG | 12,356 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,357 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGS | 12,358 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,359 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGPAPGGS | 12,360 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 12,361 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGG | 12,362 | AVIRE_P03360_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,363 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSSPAP | 12,364 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,365 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGSGGG | 12,366 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,367 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,368 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGGSS | 12,369 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 12,370 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 12,371 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,372 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAK | 12,373 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,374 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSS | 12,375 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,376 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGS | 12,377 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,378 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,379 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,380 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 12,381 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGG | 12,382 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,383 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGEAAAK | 12,384 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,385 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,386 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,387 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSS | 12,388 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,389 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAP | 12,390 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,391 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２４３】

【表１－１２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSPAPGGG | 12,392 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,393 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,394 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,395 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,396 | MLVMS_P03355 |
| PAPEAAAKGSS | 12,397 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,398 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGS | 12,399 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,400 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,401 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 12,402 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,403 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,404 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,405 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 12,406 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,407 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 12,408 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,409 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKPAP | 12,410 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,411 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGPAPGGS | 12,412 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSPAP | 12,413 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,414 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 12,415 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,416 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,417 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 12,418 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGGG | 12,419 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGGS | 12,420 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPGSS | 12,421 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 12,422 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 12,423 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,424 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSPAP | 12,425 | MLVFF_P26809_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,426 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,427 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGG | 12,428 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSPAP | 12,429 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 12,430 | MLVAV_P03356_3mutA |

【１２４４】

【表１－１３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAPAP | 12,431 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,432 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,433 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSEAAAK | 12,434 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 12,435 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,436 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,437 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPGGG | 12,438 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 12,439 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,440 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,441 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAK | 12,442 | MLVCB_P08361_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,443 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 12,444 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,445 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGGGGG | 12,446 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGSS | 12,447 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAK | 12,448 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 12,449 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGGEAAAK | 12,450 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 12,451 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,452 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,453 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,454 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGGEAAAK | 12,455 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 12,456 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAP | 12,457 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAP | 12,458 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAP | 12,459 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,460 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,461 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,462 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPAPAP | 12,463 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,464 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSGSS | 12,465 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSEAAAK | 12,466 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 12,467 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,468 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,469 | WMSV_P03359_3mut |

【１２４５】

【表１－１４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGGEAAAK | 12,470 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGEAAAK | 12,471 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,472 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,473 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGGGS | 12,474 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 12,475 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 12,476 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 12,477 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 12,478 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 12,479 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSS | 12,480 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,481 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGSSGGG | 12,482 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAK | 12,483 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 12,484 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 12,485 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,486 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,487 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,488 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSAGSAAGSGEF | 12,489 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSEAAAK | 12,490 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 12,491 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,492 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 12,493 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 12,494 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,495 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,496 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,497 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 12,498 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,499 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,500 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSS | 12,501 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPEAAAK | 12,502 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKPAP | 12,503 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAP | 12,504 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,505 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 12,506 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,507 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGG | 12,508 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |

【１２４６】

【表１－１５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSPAP | 12,509 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,510 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,511 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGG | 12,512 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,513 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGS | 12,514 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGSGGSGGS | 12,515 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAP | 12,516 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAP | 12,517 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGG | 12,518 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,519 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 12,520 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSEAAAK | 12,521 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,522 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,523 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,524 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,525 | MLVMS_P03355_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,526 | FLV_P10273_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,527 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 12,528 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,529 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAP | 12,530 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAPAPAP | 12,531 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,532 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 12,533 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGG | 12,534 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 12,535 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGGG | 12,536 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,537 | FFV_O93209 |
| PAPGGGGSS | 12,538 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,539 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,540 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 12,541 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAP | 12,542 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,543 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 12,544 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,545 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,546 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 12,547 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２４７】

【表１－１６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSS | 12,548 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 12,549 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 12,550 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 12,551 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGS | 12,552 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGG | 12,553 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 12,554 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 12,555 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKPAP | 12,556 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPGSS | 12,557 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,558 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,559 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,560 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSS | 12,561 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,562 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,563 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,564 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,565 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,566 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,567 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,568 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSS | 12,569 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,570 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,571 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,572 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,573 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,574 | GALV_P21414_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,575 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,576 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 12,577 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 12,578 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 12,579 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,580 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGG | 12,581 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,582 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 12,583 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGSS | 12,584 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,585 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSEAAAK | 12,586 | BAEVM_P10272_3mutA |

【１２４８】

【表１－１７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGGG | 12,587 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 12,588 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,589 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAP | 12,590 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 12,591 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,592 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,593 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAP | 12,594 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,595 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,596 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGG | 12,597 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGS | 12,598 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,599 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,600 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,601 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSGGS | 12,602 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSPAP | 12,603 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSSEAAAK | 12,604 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,605 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,606 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,607 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 12,608 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 12,609 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGGG | 12,610 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSEAAAK | 12,611 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,612 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSS | 12,613 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 12,614 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAKGGG | 12,615 | AVIRE_P03360_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,616 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGGGSGSS | 12,617 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,618 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,619 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 12,620 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAK | 12,621 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 12,622 | FLV_P10273_3mutA |
| GGG | 12,623 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPEAAAK | 12,624 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,625 | FLV_P10273_3mutA |

【１２４９】

【表１－１８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGEAAAKPAP | 12,626 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,627 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGS | 12,628 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 12,629 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAK | 12,630 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGG | 12,631 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSS | 12,632 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 12,633 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,634 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,635 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSSPAP | 12,636 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,637 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 12,638 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAK | 12,639 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,640 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,641 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,642 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,643 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPGGG | 12,644 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,645 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 12,646 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 12,647 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,648 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,649 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,650 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAPGGS | 12,651 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAK | 12,652 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSS | 12,653 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 12,654 | MLVAV_P03356_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,655 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,656 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,657 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,658 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,659 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,660 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,661 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGGPAP | 12,662 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSS | 12,663 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 12,664 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２５０】

【表１－１９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGG | 12,665 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 12,666 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,667 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,668 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,669 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,670 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 12,671 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKGGG | 12,672 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,673 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,674 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 12,675 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 12,676 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,677 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 12,678 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGGS | 12,679 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSGGG | 12,680 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGGS | 12,681 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGGGGS | 12,682 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAPGSS | 12,683 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGGG | 12,684 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGGGSS | 12,685 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGG | 12,686 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,687 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,688 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,689 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,690 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,691 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGSSGGS | 12,692 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,693 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,694 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 12,695 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGG | 12,696 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSS | 12,697 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,698 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGPAP | 12,699 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGGS | 12,700 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,701 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,702 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,703 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２５１】

【表１－２０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGEAAAKGSS | 12,704 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 12,705 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGGGGG | 12,706 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 12,707 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,708 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 12,709 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAK | 12,710 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 12,711 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 12,712 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGSGGG | 12,713 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,714 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,715 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,716 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGS | 12,717 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,718 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGG | 12,719 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,720 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAPGGS | 12,721 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,722 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,723 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 12,724 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSPAP | 12,725 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGG | 12,726 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 12,727 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSS | 12,728 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAP | 12,729 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,730 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGG | 12,731 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSEAAAKPAP | 12,732 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSS | 12,733 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSEAAAK | 12,734 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 12,735 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAP | 12,736 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,737 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,738 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 12,739 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 12,740 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGS | 12,741 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 12,742 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２５２】

【表１－２１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 12,743 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,744 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSGGS | 12,745 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,746 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSEAAAK | 12,747 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGG | 12,748 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,749 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,750 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAK | 12,751 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,752 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,753 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,754 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,755 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,756 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPGGSGGG | 12,757 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,758 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGS | 12,759 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,760 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 12,761 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,762 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 12,763 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 12,764 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,765 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,766 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 12,767 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSGGS | 12,768 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 12,769 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAK | 12,770 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,771 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAP | 12,772 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,773 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGGSGSS | 12,774 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,775 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 12,776 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,777 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,778 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAP | 12,779 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSS | 12,780 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| SGSETPGTSESATPES | 12,781 | WMSV_P03359_3mut |

【１２５３】

【表１－２２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGG | 12,782 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSPAPGSS | 12,783 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,784 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGS | 12,785 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 12,786 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,787 | MLVFF_P26809_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,788 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,789 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,790 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,791 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,792 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,793 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,794 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAK | 12,795 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,796 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGGSS | 12,797 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 12,798 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 12,799 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGGSEAAAK | 12,800 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGGG | 12,801 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGG | 12,802 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGGG | 12,803 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,804 | AVIRE_P03360 |
| PAPGSSGGS | 12,805 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGS | 12,806 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKPAP | 12,807 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGG | 12,808 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,809 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 12,810 | MLVMS_P03355_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 12,811 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,812 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 12,813 | MLVAV_P03356_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,814 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAP | 12,815 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGSEAAAK | 12,816 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGG | 12,817 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,818 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGS | 12,819 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 12,820 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２５４】

【表１－２３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAP | 12,821 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,822 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 12,823 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGG | 12,824 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,825 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGG | 12,826 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,827 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGPAP | 12,828 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,829 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,830 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 12,831 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSS | 12,832 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGS | 12,833 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGGSPAP | 12,834 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSS | 12,835 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSS | 12,836 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,837 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,838 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPAPAP | 12,839 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 12,840 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 12,841 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,842 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 12,843 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,844 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGS | 12,845 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,846 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAK | 12,847 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,848 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 12,849 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,850 | FLV_P10273_3mut |
| GSSEAAAKPAP | 12,851 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,852 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 12,853 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,854 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 12,855 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,856 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPAPAP | 12,857 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,858 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 12,859 | PERV_Q4VFZ2_3mut |

【１２５５】

【表１－２４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 12,860 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGSSGGG | 12,861 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 12,862 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,863 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGGG | 12,864 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,865 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGGS | 12,866 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSS | 12,867 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGPAP | 12,868 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSPAP | 12,869 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,870 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSS | 12,871 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,872 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,873 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 12,874 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGG | 12,875 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,876 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGPAP | 12,877 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 12,878 | AVIRE_P03360_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,879 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAP | 12,880 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,881 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,882 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,883 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAP | 12,884 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSEAAAK | 12,885 | FLV_P10273_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,886 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGG | 12,887 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,888 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 12,889 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,890 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,891 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGSPAP | 12,892 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,893 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGS | 12,894 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 12,895 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,896 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,897 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 12,898 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２５６】

【表１－２５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGS | 12,899 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 12,900 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,901 | XMRV6_A1Z651 |
| GGGGG | 12,902 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,903 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGG | 12,904 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGG | 12,905 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSS | 12,906 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,907 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGSGSS | 12,908 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKPAP | 12,909 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,910 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGG | 12,911 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSPAPGGS | 12,912 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGGGGS | 12,913 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,914 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGS | 12,915 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGG | 12,916 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,917 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,918 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGGGGG | 12,919 | BAEVM_P10272_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,920 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGG | 12,921 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGSSGSS | 12,922 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 12,923 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,924 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGGGGG | 12,925 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGSS | 12,926 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 12,927 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,928 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,929 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,930 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSEAAAK | 12,931 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,932 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,933 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 12,934 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 12,935 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAPGSS | 12,936 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPGGSGGG | 12,937 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１２５７】

【表１－２６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGGG | 12,938 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSEAAAK | 12,939 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,940 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,941 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGSGSS | 12,942 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGPAP | 12,943 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 12,944 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGSPAP | 12,945 | MLVCB_P08361_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,946 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAPAPAP | 12,947 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGS | 12,948 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,949 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSPAP | 12,950 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGS | 12,951 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,952 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGGGSS | 12,953 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,954 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,955 | FFV_O93209_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,956 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGG | 12,957 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAK | 12,958 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,959 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGG | 12,960 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGG | 12,961 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,962 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,963 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,964 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,965 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSS | 12,966 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 12,967 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGG | 12,968 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,969 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,970 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGG | 12,971 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGG | 12,972 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGSGSS | 12,973 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,974 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSGGSGGS | 12,975 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 12,976 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２５８】

【表１－２７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,977 | XMRV6_A1Z651 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,978 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,979 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGPAPGSS | 12,980 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGG | 12,981 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,982 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGS | 12,983 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,984 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,985 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,986 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSS | 12,987 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSS | 12,988 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGPAPGSS | 12,989 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAP | 12,990 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 12,991 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,992 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 12,993 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,994 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGG | 12,995 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,996 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGGGSS | 12,997 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,998 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 12,999 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGGGSS | 13,000 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 13,001 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSEAAAK | 13,002 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSAGSAAGSGEF | 13,003 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,004 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,005 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,006 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 13,007 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSPAP | 13,008 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAP | 13,009 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 13,010 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAPGSS | 13,011 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAP | 13,012 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 13,013 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,014 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 13,015 | XMRV6_A1Z651_3mut |

【１２５９】

【表１－２８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSPAPGGG | 13,016 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 13,017 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGG | 13,018 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGSS | 13,019 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGSS | 13,020 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,021 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,022 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 13,023 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGSSGGG | 13,024 | MLVFF_P26809_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,025 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,026 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSGGG | 13,027 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 13,028 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 13,029 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSS | 13,030 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,031 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSS | 13,032 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGSGGG | 13,033 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,034 | MLVCB_P08361_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,035 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGGGGS | 13,036 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,037 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAK | 13,038 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGG | 13,039 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,040 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGSGSS | 13,041 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 13,042 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 13,043 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKPAPGGG | 13,044 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 13,045 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 13,046 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,047 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,048 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGGS | 13,049 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 13,050 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,051 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAP | 13,052 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,053 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGG | 13,054 | BAEVM_P10272_3mut |

【１２６０】

【表１－２９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGSS | 13,055 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,056 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,057 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGG | 13,058 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,059 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,060 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 13,061 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSS | 13,062 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPEAAAKGGS | 13,063 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSS | 13,064 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 13,065 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,066 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSGGGGS | 13,067 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAK | 13,068 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGGS | 13,069 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,070 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGG | 13,071 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 13,072 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 13,073 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSS | 13,074 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,075 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGGSS | 13,076 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 13,077 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSS | 13,078 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 13,079 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 13,080 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAPEAAAK | 13,081 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGGGGS | 13,082 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,083 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,084 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,085 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSPAPEAAAK | 13,086 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,087 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,088 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,089 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGG | 13,090 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,091 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,092 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAPEAAAK | 13,093 | MLVFF_P26809_3mutA |

【１２６１】

【表１－３０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGPAPGGS | 13,094 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGG | 13,095 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 13,096 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGS | 13,097 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 13,098 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,099 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGPAP | 13,100 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,101 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPAP | 13,102 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,103 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGGGPAP | 13,104 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAP | 13,105 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGSPAP | 13,106 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPGGG | 13,107 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,108 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAP | 13,109 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSS | 13,110 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,111 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,112 | FOAMV_P14350 |
| PAPGSSGGG | 13,113 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKPAP | 13,114 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGS | 13,115 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 13,116 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,117 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSEAAAK | 13,118 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 13,119 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGG | 13,120 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKPAP | 13,121 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,122 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGG | 13,123 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGEAAAK | 13,124 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGS | 13,125 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,126 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,127 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,128 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAP | 13,129 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,130 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,131 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,132 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２６２】

【表１－３１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSGGS | 13,133 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,134 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPAP | 13,135 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 13,136 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSS | 13,137 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 13,138 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,139 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSEAAAKGGS | 13,140 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAP | 13,141 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,142 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGS | 13,143 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 13,144 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,145 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,146 | BAEVM_P10272_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,147 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,148 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGG | 13,149 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,150 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,151 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,152 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGG | 13,153 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGG | 13,154 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSGGG | 13,155 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,156 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,157 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 13,158 | FLV_P10273_3mutA |
| GGS | 13,159 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,160 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,161 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,162 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,163 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAP | 13,164 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,165 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,166 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 13,167 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSGGGPAP | 13,168 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSAGSAAGSGEF | 13,169 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAK | 13,170 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGSS | 13,171 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２６３】

【表１－３２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,172 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,173 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 13,174 | BAEVM_P10272_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,175 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 13,176 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 13,177 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAP | 13,178 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPGGG | 13,179 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPEAAAK | 13,180 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGSSGSS | 13,181 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 13,182 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAP | 13,183 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSAGSAAGSGEF | 13,184 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 13,185 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPEAAAK | 13,186 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,187 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGSSPAP | 13,188 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 13,189 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSS | 13,190 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,191 | BAEVM_P10272_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,192 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 13,193 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGSGGS | 13,194 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGG | 13,195 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGPAP | 13,196 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGSGGG | 13,197 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,198 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,199 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,200 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,201 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,202 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,203 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 13,204 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAK | 13,205 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,206 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,207 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,208 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,209 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGGGG | 13,210 | MLVFF_P26809_3mut |

【１２６４】

【表１－３３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAPAP | 13,211 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSPAPGGG | 13,212 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGSPAP | 13,213 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,214 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,215 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GSSEAAAKGGS | 13,216 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,217 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,218 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 13,219 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,220 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,221 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGPAP | 13,222 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGSGSS | 13,223 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,224 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAK | 13,225 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,226 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,227 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,228 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,229 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,230 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSS | 13,231 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 13,232 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 13,233 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSS | 13,234 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAP | 13,235 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,236 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,237 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGS | 13,238 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGGG | 13,239 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,240 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,241 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSPAP | 13,242 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,243 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGS | 13,244 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAK | 13,245 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,246 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,247 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 13,248 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSEAAAK | 13,249 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２６５】

【表１－３４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGSGGG | 13,250 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSSPAP | 13,251 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 13,252 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,253 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,254 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGG | 13,255 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGS | 13,256 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,257 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSS | 13,258 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAPEAAAK | 13,259 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,260 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSS | 13,261 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGG | 13,262 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 13,263 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,264 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGSGGG | 13,265 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAP | 13,266 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 13,267 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAK | 13,268 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGG | 13,269 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 13,270 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,271 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSS | 13,272 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,273 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGG | 13,274 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAP | 13,275 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPGGG | 13,276 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,277 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 13,278 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPAP | 13,279 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSPAPGGS | 13,280 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 13,281 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 13,282 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,283 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,284 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSS | 13,285 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,286 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,287 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,288 | MLVAV_P03356_3mutA |

【１２６６】

【表１－３５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKPAPGGS | 13,289 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGS | 13,290 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 13,291 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGSGGGSGGS | 13,292 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGGGG | 13,293 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,294 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 13,295 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,296 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,297 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 13,298 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,299 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGS | 13,300 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGGGSS | 13,301 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,302 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGGPAP | 13,303 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 13,304 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,305 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSEAAAK | 13,306 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 13,307 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,308 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAP | 13,309 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGG | 13,310 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 13,311 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSS | 13,312 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,313 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,314 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,315 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPGGSGGG | 13,316 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGPAP | 13,317 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 13,318 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGGGSS | 13,319 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,320 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 13,321 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,322 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSS | 13,323 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGGGGGS | 13,324 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAP | 13,325 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGG | 13,326 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,327 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１２６７】

【表１－３６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSPAPEAAAK | 13,328 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAP | 13,329 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,330 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,331 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,332 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSEAAAKGGS | 13,333 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAP | 13,334 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,335 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,336 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAK | 13,337 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,338 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGPAPGGS | 13,339 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 13,340 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 13,341 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGEAAAK | 13,342 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,343 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,344 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,345 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSAGSAAGSGEF | 13,346 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAK | 13,347 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,348 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGG | 13,349 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,350 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,351 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,352 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGSS | 13,353 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 13,354 | MLVCB_P08361_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,355 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GSSGSSGSS | 13,356 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGG | 13,357 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGS | 13,358 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGG | 13,359 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,360 | WMSV_P03359_3mut |
| PAP | 13,361 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 13,362 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 13,363 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,364 | AVIRE_P03360 |
| GGGGS | 13,365 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,366 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２６８】

【表１－３７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGG | 13,367 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,368 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,369 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGS | 13,370 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 13,371 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,372 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,373 | BAEVM_P10272_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,374 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPGGSGGG | 13,375 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,376 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSGSSPAP | 13,377 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGG | 13,378 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,379 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,380 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGPAPGGS | 13,381 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,382 | SFV3L_P27401 |
| PAP | 13,383 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGS | 13,384 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGSEAAAK | 13,385 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,386 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,387 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGGGEAAAK | 13,388 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,389 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGSS | 13,390 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGGGGGS | 13,391 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,392 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGSS | 13,393 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,394 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGPAP | 13,395 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSEAAAKGGG | 13,396 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,397 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,398 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 13,399 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,400 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 13,401 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAK | 13,402 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGGGGG | 13,403 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGG | 13,404 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,405 | BAEVM_P10272_3mutA |

【１２６９】

【表１－３８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 13,406 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 13,407 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,408 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,409 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,410 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGS | 13,411 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGPAPGSS | 13,412 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,413 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,414 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGG | 13,415 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,416 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGS | 13,417 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,418 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGS | 13,419 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,420 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,421 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGG | 13,422 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGGGGS | 13,423 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,424 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,425 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGS | 13,426 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGSPAP | 13,427 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGG | 13,428 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSS | 13,429 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,430 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,431 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSPAP | 13,432 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,433 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGG | 13,434 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 13,435 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,436 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 13,437 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGSSPAP | 13,438 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,439 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 13,440 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSS | 13,441 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,442 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGS | 13,443 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 13,444 | FLV_P10273_3mutA |

【１２７０】

【表１－３９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSS | 13,445 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGG | 13,446 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGS | 13,447 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGSGGSGGS | 13,448 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 13,449 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,450 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAK | 13,451 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,452 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGGSEAAAK | 13,453 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGG | 13,454 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 13,455 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGG | 13,456 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,457 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGPAPGGS | 13,458 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAP | 13,459 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSS | 13,460 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPGGS | 13,461 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGGSPAP | 13,462 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,463 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGSS | 13,464 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSEAAAK | 13,465 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAK | 13,466 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,467 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 13,468 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,469 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 13,470 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,471 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGPAPGGS | 13,472 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGS | 13,473 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,474 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGPAP | 13,475 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKPAP | 13,476 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 13,477 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKPAP | 13,478 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSS | 13,479 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGGG | 13,480 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,481 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 13,482 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,483 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２７１】

【表１－４０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGGEAAAK | 13,484 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 13,485 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSPAP | 13,486 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,487 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSEAAAKGSS | 13,488 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGSEAAAK | 13,489 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 13,490 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGG | 13,491 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,492 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,493 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 13,494 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAK | 13,495 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGSGSS | 13,496 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSS | 13,497 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGGGGS | 13,498 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,499 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,500 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSEAAAK | 13,501 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGG | 13,502 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,503 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,504 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 13,505 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,506 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,507 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,508 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,509 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 13,510 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,511 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGGGG | 13,512 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 13,513 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSSPAP | 13,514 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAPAP | 13,515 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,516 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGGG | 13,517 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,518 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,519 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGGPAP | 13,520 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 13,521 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGGSGSS | 13,522 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２７２】

【表１－４１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSS | 13,523 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGGSPAP | 13,524 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAP | 13,525 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGPAPGGS | 13,526 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSSGGG | 13,527 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGG | 13,528 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGS | 13,529 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGSS | 13,530 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGSS | 13,531 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 13,532 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,533 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGGGSS | 13,534 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,535 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSS | 13,536 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,537 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 13,538 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGS | 13,539 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,540 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,541 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 13,542 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGGG | 13,543 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGS | 13,544 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAP | 13,545 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPAPAP | 13,546 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGG | 13,547 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 13,548 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGGGGSS | 13,549 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,550 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSPAPGGG | 13,551 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 13,552 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAP | 13,553 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGS | 13,554 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGG | 13,555 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGGPAP | 13,556 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 13,557 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,558 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,559 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,560 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,561 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２７３】

【表１－４２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKPAPGSS | 13,562 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,563 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 13,564 | MLVAV_P03356_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,565 | AVIRE_P03360_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,566 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,567 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGGGSS | 13,568 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 13,569 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGG | 13,570 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGGEAAAK | 13,571 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,572 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSPAPGGG | 13,573 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 13,574 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,575 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,576 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGS | 13,577 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,578 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAP | 13,579 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,580 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,581 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAPGGS | 13,582 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGG | 13,583 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 13,584 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,585 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,586 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGSSGSS | 13,587 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,588 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,589 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 13,590 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGGGGS | 13,591 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGGSS | 13,592 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSS | 13,593 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,594 | WMSV_P03359_3mut |
| GGS | 13,595 | AVIRE_P03360_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,596 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGG | 13,597 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 13,598 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGSSGGS | 13,599 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPEAAAK | 13,600 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２７４】

【表１－４３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,601 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGS | 13,602 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSPAP | 13,603 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,604 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 13,605 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSSGGS | 13,606 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 13,607 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 13,608 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGGSGGG | 13,609 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGS | 13,610 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGSS | 13,611 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,612 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPAP | 13,613 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,614 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGG | 13,615 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,616 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,617 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAK | 13,618 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,619 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAP | 13,620 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGS | 13,621 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 13,622 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGSS | 13,623 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 13,624 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGG | 13,625 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGPAP | 13,626 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPEAAAK | 13,627 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAP | 13,628 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAP | 13,629 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 13,630 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 13,631 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,632 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,633 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,634 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAPGGS | 13,635 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGS | 13,636 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAP | 13,637 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 13,638 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGG | 13,639 | KORV_Q9TTC1_3mut |

【１２７５】

【表１－４４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGGEAAAK | 13,640 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 13,641 | AVIRE_P03360 |
| PAPAP | 13,642 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSS | 13,643 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 13,644 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,645 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAK | 13,646 | MLVAV_P03356_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 13,647 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAPAP | 13,648 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 13,649 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,650 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGGSGSS | 13,651 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPGGSGGG | 13,652 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGS | 13,653 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAK | 13,654 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 13,655 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGSS | 13,656 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,657 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,658 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 13,659 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,660 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 13,661 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,662 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,663 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPEAAAK | 13,664 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 13,665 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSEAAAK | 13,666 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGG | 13,667 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSPAPGGG | 13,668 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSGGSGGS | 13,669 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 13,670 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,671 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,672 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,673 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 13,674 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAK | 13,675 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 13,676 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,677 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGG | 13,678 | PERV_Q4VFZ2_3mut |

【１２７６】

【表１－４５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKGSS | 13,679 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGG | 13,680 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSSGGG | 13,681 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGS | 13,682 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,683 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 13,684 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,685 | KORV_Q9TTC1 |
| PAPGGSGGG | 13,686 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGG | 13,687 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 13,688 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGSS | 13,689 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,690 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,691 | MLVAV_P03356_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,692 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,693 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGG | 13,694 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGEAAAK | 13,695 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,696 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,697 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPAPAPAPAP | 13,698 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAK | 13,699 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,700 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 13,701 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 13,702 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGSGSS | 13,703 | PERV_Q4VFZ2 |
| SGSETPGTSESATPES | 13,704 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGS | 13,705 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGS | 13,706 | FLV_P10273_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,707 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,708 | FFV_O93209_2mut |
| GSSGGSGGG | 13,709 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 13,710 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,711 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSS | 13,712 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,713 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,714 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 13,715 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,716 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAK | 13,717 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |

【１２７７】

【表１－４６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGSGGG | 13,718 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 13,719 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGS | 13,720 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,721 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGG | 13,722 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,723 | BAEVM_P10272_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,724 | SFV1_P23074 |
| GGSGGGPAP | 13,725 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGSS | 13,726 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,727 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 13,728 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAP | 13,729 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,730 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGGS | 13,731 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 13,732 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,733 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 13,734 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 13,735 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGG | 13,736 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,737 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGG | 13,738 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGS | 13,739 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGGGSS | 13,740 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,741 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,742 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 13,743 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,744 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 13,745 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,746 | MLVAV_P03356_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,747 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGG | 13,748 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,749 | FFV_O93209_2mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,750 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSPAPGGG | 13,751 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGGS | 13,752 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGEAAAK | 13,753 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 13,754 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,755 | BAEVM_P10272_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,756 | GALV_P21414_3mutA |

【１２７８】

【表１－４７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGSPAP | 13,757 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKEAAAK | 13,758 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,759 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 13,760 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,761 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,762 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGS | 13,763 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,764 | SFV1_P23074 |
| GGGGSGGGGS | 13,765 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,766 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSS | 13,767 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAPGGG | 13,768 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,769 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGS | 13,770 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,771 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGPAPGGS | 13,772 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGSSGGG | 13,773 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 13,774 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGG | 13,775 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGSS | 13,776 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGG | 13,777 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGGGGS | 13,778 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSEAAAK | 13,779 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGG | 13,780 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,781 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGS | 13,782 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 13,783 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,784 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,785 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 13,786 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,787 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPGSSEAAAK | 13,788 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 13,789 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSPAPGGG | 13,790 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGGS | 13,791 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSGGS | 13,792 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAP | 13,793 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGS | 13,794 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAPGGS | 13,795 | PERV_Q4VFZ2_3mut |

【１２７９】

【表１－４８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,796 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 13,797 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,798 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGSS | 13,799 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSEAAAK | 13,800 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSPAPGGG | 13,801 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGG | 13,802 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,803 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 13,804 | FFV_O93209 |
| GGGGGS | 13,805 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGG | 13,806 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGSS | 13,807 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,808 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,809 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,810 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,811 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,812 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGSS | 13,813 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSS | 13,814 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAP | 13,815 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAP | 13,816 | BAEVM_P10272 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,817 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGGGG | 13,818 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGS | 13,819 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGG | 13,820 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 13,821 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,822 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGS | 13,823 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGG | 13,824 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGS | 13,825 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,826 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGG | 13,827 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGSGSS | 13,828 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGSS | 13,829 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSGSS | 13,830 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,831 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 13,832 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,833 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,834 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２８０】

【表１－４９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGGGGS | 13,835 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGGS | 13,836 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGG | 13,837 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,838 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSSGGS | 13,839 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 13,840 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,841 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKGGS | 13,842 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 13,843 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,844 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGSSGGG | 13,845 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,846 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,847 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSPAP | 13,848 | FLV_P10273_3mutA |
| GSS | 13,849 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 13,850 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSSPAP | 13,851 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGS | 13,852 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 13,853 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 13,854 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGS | 13,855 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,856 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGGS | 13,857 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,858 | FLV_P10273_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 13,859 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPEAAAK | 13,860 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGSSGGG | 13,861 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGG | 13,862 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,863 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,864 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,865 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 13,866 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSPAP | 13,867 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 13,868 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,869 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,870 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 13,871 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGG | 13,872 | AVIRE_P03360 |
| GGSEAAAKGSS | 13,873 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |

【１２８１】

【表１－５０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKGSS | 13,874 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,875 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,876 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,877 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,878 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 13,879 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,880 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAP | 13,881 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,882 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAP | 13,883 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGS | 13,884 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,885 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 13,886 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,887 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSS | 13,888 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGS | 13,889 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGSGGG | 13,890 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,891 | FLV_P10273_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,892 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGSGGS | 13,893 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,894 | WMSV_P03359_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,895 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGGS | 13,896 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,897 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGG | 13,898 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,899 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSGGSGGG | 13,900 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSS | 13,901 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGS | 13,902 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,903 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGG | 13,904 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,905 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 13,906 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 13,907 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 13,908 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGEAAAK | 13,909 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,910 | FFV_O93209 |
| EAAAKGGGGGS | 13,911 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSPAPGGG | 13,912 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２８２】

【表１－５１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSS | 13,913 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAK | 13,914 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,915 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,916 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,917 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,918 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGS | 13,919 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAP | 13,920 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAP | 13,921 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 13,922 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGGGSGSS | 13,923 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,924 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGGSPAP | 13,925 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 13,926 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGS | 13,927 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGGGG | 13,928 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,929 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,930 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGS | 13,931 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,932 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,933 | MLVF5_P26810_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,934 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSPAPGGG | 13,935 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,936 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,937 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 13,938 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSEAAAK | 13,939 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSS | 13,940 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGGG | 13,941 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGG | 13,942 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGGSPAP | 13,943 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 13,944 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGG | 13,945 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,946 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAP | 13,947 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSEAAAK | 13,948 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGS | 13,949 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGG | 13,950 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,951 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２８３】

【表１－５２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,952 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 13,953 | KORV_Q9TTC1 |
| EAAAKGGSPAP | 13,954 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,955 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,956 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGGG | 13,957 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,958 | SFV1_P23074_2mutA |
| EAAAKGSSGGS | 13,959 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSEAAAKPAP | 13,960 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSS | 13,961 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,962 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGS | 13,963 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,964 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,965 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 13,966 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,967 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 13,968 | MLVMS_P03355 |
| GGSGGGPAP | 13,969 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGS | 13,970 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,971 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGG | 13,972 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 13,973 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,974 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 13,975 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,976 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 13,977 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,978 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,979 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSS | 13,980 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,981 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 13,982 | FLV_P10273_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,983 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,984 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,985 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,986 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGSGGG | 13,987 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGSGGG | 13,988 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGS | 13,989 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,990 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２８４】

【表１－５３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGSS | 13,991 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGG | 13,992 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,993 | WMSV_P03359_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,994 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,995 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,996 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,997 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,998 | MLVAV_P03356_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 13,999 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAK | 14,000 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,001 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGG | 14,002 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSS | 14,003 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGSPAP | 14,004 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGSGGS | 14,005 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,006 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,007 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,008 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,009 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSSEAAAK | 14,010 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,011 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKGGS | 14,012 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSS | 14,013 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSEAAAK | 14,014 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGSSGSS | 14,015 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,016 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKPAP | 14,017 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 14,018 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,019 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,020 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGGGG | 14,021 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGSS | 14,022 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,023 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGSS | 14,024 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 14,025 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 14,026 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSS | 14,027 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSS | 14,028 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGSS | 14,029 | AVIRE_P03360_3mut |

【１２８５】

【表１－５４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSEAAAK | 14,030 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,031 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKGSSPAP | 14,032 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPGGS | 14,033 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGG | 14,034 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,035 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 14,036 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,037 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 14,038 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 14,039 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKPAP | 14,040 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,041 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,042 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGG | 14,043 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGSS | 14,044 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAK | 14,045 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGPAPGSS | 14,046 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSGGSPAP | 14,047 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSS | 14,048 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,049 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSGGGPAP | 14,050 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGS | 14,051 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 14,052 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGSPAP | 14,053 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGGGS | 14,054 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,055 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,056 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,057 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,058 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,059 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,060 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,061 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGSSEAAAK | 14,062 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSSPAP | 14,063 | FFV_O93209 |
| GSSGGSPAP | 14,064 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGSS | 14,065 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 14,066 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSPAP | 14,067 | MLVFF_P26809_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 14,068 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２８６】

【表１－５５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,069 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,070 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,071 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGPAPGGS | 14,072 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 14,073 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,074 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAPGGG | 14,075 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,076 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGEAAAK | 14,077 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 14,078 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGGG | 14,079 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGGSS | 14,080 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,081 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGGG | 14,082 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSGSS | 14,083 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAP | 14,084 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 14,085 | MLVMS_P03355 |
| GSSGSSGSS | 14,086 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGSSGGS | 14,087 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGS | 14,088 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 14,089 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGSGGS | 14,090 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGS | 14,091 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGGSPAP | 14,092 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGGGGS | 14,093 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGSPAP | 14,094 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 14,095 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGGSPAP | 14,096 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGGPAPEAAAK | 14,097 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKGSS | 14,098 | MLVMS_P03355 |
| PAPEAAAKGSS | 14,099 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 14,100 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGG | 14,101 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSS | 14,102 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGSPAP | 14,103 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSSGGS | 14,104 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAKGSS | 14,105 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 14,106 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,107 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２８７】

【表１－５６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAP | 14,108 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 14,109 | MLVAV_P03356_3mut |
| PAPAPAPAP | 14,110 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 14,111 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 14,112 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSGGSGGG | 14,113 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 14,114 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 14,115 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 14,116 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGG | 14,117 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 14,118 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGSSGGS | 14,119 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 14,120 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKGSSGGS | 14,121 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAK | 14,122 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,123 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSPAPGGG | 14,124 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,125 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,126 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 14,127 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPEAAAK | 14,128 | BLVJ_P03361 |
| GSSGGG | 14,129 | FFV_O93209-Pro |
| GGSGGGEAAAK | 14,130 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAK | 14,131 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSSPAP | 14,132 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSS | 14,133 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,134 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGGSPAP | 14,135 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSS | 14,136 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,137 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,138 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,139 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,140 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 14,141 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,142 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,143 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGS | 14,144 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 14,145 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAK | 14,146 | WMSV_P03359_3mutA |

【１２８８】

【表１－５７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKPAP | 14,147 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 14,148 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,149 | AVIRE_P03360_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 14,150 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGS | 14,151 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,152 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,153 | AVIRE_P03360 |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,154 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,155 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,156 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAK | 14,157 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPGSS | 14,158 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,159 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGSS | 14,160 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGGGGS | 14,161 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,162 | FFV_O93209-Pro |
| GGSGGGEAAAK | 14,163 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGG | 14,164 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGG | 14,165 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 14,166 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 14,167 | FFV_O93209 |
| GSSPAPGGS | 14,168 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 14,169 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGPAP | 14,170 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAP | 14,171 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSPAPGSS | 14,172 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAP | 14,173 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGGG | 14,174 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGG | 14,175 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,176 | FOAMV_P14350_2mutA |
| PAPAP | 14,177 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,178 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAP | 14,179 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,180 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGS | 14,181 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,182 | FLV_P10273_3mut |
| GGGGGS | 14,183 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 14,184 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,185 | GALV_P21414_3mutA |

【１２８９】

【表１－５８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGS | 14,186 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGG | 14,187 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPAPAP | 14,188 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGG | 14,189 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,190 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSGGGGS | 14,191 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGG | 14,192 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,193 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 14,194 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGG | 14,195 | BLVJ_P03361_2mutB |
| GGGEAAAKGSS | 14,196 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSSGSS | 14,197 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGGSPAP | 14,198 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGS | 14,199 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 14,200 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSEAAAK | 14,201 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGS | 14,202 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 14,203 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGSS | 14,204 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 14,205 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,206 | SFV3L_P27401 |
| GSSEAAAKGGG | 14,207 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,208 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGSGGS | 14,209 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGGSGSS | 14,210 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,211 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGG | 14,212 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSEAAAKGGG | 14,213 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGSGGG | 14,214 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGS | 14,215 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,216 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPEAAAKGSS | 14,217 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,218 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,219 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSGGG | 14,220 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSPAP | 14,221 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGSS | 14,222 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSGGGGSS | 14,223 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGS | 14,224 | WMSV_P03359_3mutA |

【１２９０】

【表１－５９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGGGGS | 14,225 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGG | 14,226 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSS | 14,227 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,228 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,229 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,230 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGPAPGGS | 14,231 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,232 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGGGEAAAK | 14,233 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 14,234 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSEAAAK | 14,235 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSS | 14,236 | AVIRE_P03360 |
| GGSPAPEAAAK | 14,237 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGS | 14,238 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSPAPGGG | 14,239 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 14,240 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSPAP | 14,241 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGSSGGG | 14,242 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGG | 14,243 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 14,244 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSEAAAK | 14,245 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,246 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,247 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGS | 14,248 | SFVCP_Q87040 |
| PAPGGG | 14,249 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPEAAAK | 14,250 | MLVBM_Q7SVK7 |
| PAPEAAAK | 14,251 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGGGGGS | 14,252 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,253 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGSS | 14,254 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAK | 14,255 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,256 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,257 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPAPAP | 14,258 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 14,259 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSGGGGS | 14,260 | FLV_P10273_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,261 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| EAAAK | 14,262 | FLV_P10273_3mut |
| PAPAPAP | 14,263 | WMSV_P03359_3mut |

【１２９１】

【表１－６０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,264 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAPEAAAK | 14,265 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSGGG | 14,266 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,267 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,268 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,269 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 14,270 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 14,271 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,272 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSS | 14,273 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,274 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 14,275 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGGGSS | 14,276 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 14,277 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,278 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGGSS | 14,279 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSSPAP | 14,280 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAP | 14,281 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,282 | AVIRE_P03360 |
| GGS | 14,283 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKEAAAK | 14,284 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAP | 14,285 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,286 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGGG | 14,287 | MLVAV_P03356_3mut |
| EAAAKGSS | 14,288 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSGGGGS | 14,289 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGSGGS | 14,290 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAK | 14,291 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSGGS | 14,292 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 14,293 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,294 | FFV_O93209 |
| GSSEAAAKGGG | 14,295 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,296 | FLV_P10273_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,297 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 14,298 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 14,299 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,300 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGS | 14,301 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGS | 14,302 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２９２】

【表１－６１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSS | 14,303 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSPAPGGG | 14,304 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 14,305 | MLVF5_P26810_3mut |
| PAPAPAPAP | 14,306 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAP | 14,307 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSSGGS | 14,308 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,309 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 14,310 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,311 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGG | 14,312 | FLV_P10273_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,313 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAP | 14,314 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGSS | 14,315 | FFV_O93209_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,316 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSS | 14,317 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,318 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,319 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPGSSGGG | 14,320 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGSGSS | 14,321 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 14,322 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGGGEAAAK | 14,323 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAP | 14,324 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKPAP | 14,325 | MLVF5_P26810_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,326 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGGG | 14,327 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGGSGGS | 14,328 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGGGGGG | 14,329 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSS | 14,330 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,331 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,332 | GALV_P21414_3mutA |
| GSSGSSGSS | 14,333 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPGGS | 14,334 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPAPAP | 14,335 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,336 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAPAPAP | 14,337 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSS | 14,338 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,339 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPGGS | 14,340 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 14,341 | PERV_Q4VFZ2 |

【１２９３】

【表１－６２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGSPAP | 14,342 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,343 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSSGGG | 14,344 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGPAPGSS | 14,345 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKGGS | 14,346 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,347 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGSGGGPAP | 14,348 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSS | 14,349 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGGGS | 14,350 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,351 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSGSS | 14,352 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 14,353 | FFV_O93209-Pro |
| GGGPAPEAAAK | 14,354 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 14,355 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,356 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGSS | 14,357 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,358 | SFV1_P23074 |
| PAPGSSGGS | 14,359 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 14,360 | MLVMS_P03355 |
| GSSEAAAK | 14,361 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAP | 14,362 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,363 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGGGPAP | 14,364 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSS | 14,365 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 14,366 | MLVMS_P03355 |
| GSSEAAAKGGS | 14,367 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGGGS | 14,368 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGGG | 14,369 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGS | 14,370 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGG | 14,371 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,372 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSEAAAK | 14,373 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,374 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GSSGGSPAP | 14,375 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,376 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 14,377 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGGGPAP | 14,378 | FLV_P10273_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,379 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGS | 14,380 | FLV_P10273_3mutA |

【１２９４】

【表１－６３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGSGGG | 14,381 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,382 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSGGG | 14,383 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGSGGS | 14,384 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,385 | FLV_P10273_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,386 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGG | 14,387 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,388 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGGPAP | 14,389 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSS | 14,390 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,391 | KORV_Q9TTC1 |
| PAPGGSGGG | 14,392 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,393 | FFV_O93209 |
| GSSGGSPAP | 14,394 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 14,395 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,396 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,397 | AVIRE_P03360_3mut |
| EAAAKPAPGGG | 14,398 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 14,399 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,400 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,401 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGG | 14,402 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,403 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSSGGG | 14,404 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,405 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGEAAAK | 14,406 | FOAMV_P14350_2mutA |
| PAPEAAAKGGS | 14,407 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,408 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGSGGGGSS | 14,409 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGS | 14,410 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAK | 14,411 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,412 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGGGSGSS | 14,413 | FFV_O93209-Pro |
| GGGGGGGG | 14,414 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGGG | 14,415 | FLV_P10273_3mut |
| GSSGGSGGG | 14,416 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSS | 14,417 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGGPAP | 14,418 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSGSS | 14,419 | AVIRE_P03360_3mutA |

【１２９５】

【表１－６４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,420 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAK | 14,421 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,422 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,423 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGGGEAAAK | 14,424 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,425 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGSSEAAAK | 14,426 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGG | 14,427 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGGSGSS | 14,428 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGGEAAAK | 14,429 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGSGGG | 14,430 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 14,431 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPGGSGGG | 14,432 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAP | 14,433 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,434 | SFV1_P23074 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,435 | SRV2_P51517 |
| GSSGGSGGG | 14,436 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,437 | FFV_O93209 |
| GSSGGGPAP | 14,438 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,439 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGGSPAP | 14,440 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSS | 14,441 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 14,442 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,443 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 14,444 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKPAPGGS | 14,445 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGSS | 14,446 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,447 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,448 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGS | 14,449 | MLVRD_P11227_3mut |
| GGGGS | 14,450 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSGGGGSS | 14,451 | KORV_Q9TTC1 |
| GGSGGG | 14,452 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 14,453 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,454 | FLV_P10273 |
| PAPGGSGGG | 14,455 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,456 | HTL1L_P0C211 |
| GGGEAAAKPAP | 14,457 | WMSV_P03359 |
| GSSGGSPAP | 14,458 | FFV_O93209-Pro |

【１２９６】

【表１－６５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAP | 14,459 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGGSEAAAK | 14,460 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSPAPGSS | 14,461 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSGGSGGS | 14,462 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,463 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGGS | 14,464 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,465 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,466 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAK | 14,467 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,468 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,469 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGG | 14,470 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGGSEAAAK | 14,471 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,472 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,473 | FFV_O93209_2mutA |
| GSSGGSGGG | 14,474 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,475 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGGGEAAAK | 14,476 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 14,477 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSGGGGS | 14,478 | AVIRE_P03360 |
| GSSGGGEAAAK | 14,479 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGG | 14,480 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGSS | 14,481 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,482 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,483 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGGG | 14,484 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,485 | MLVBM_Q7SVK7 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,486 | MLVAV_P03356 |
| GGSPAPGSS | 14,487 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,488 | BAEVM_P10272 |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,489 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGGGGG | 14,490 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPAP | 14,491 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGGEAAAK | 14,492 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 14,493 | FFV_O93209_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,494 | BAEVM_P10272 |
| GGGGGS | 14,495 | MLVF5_P26810_3mutA |
| PAPGGGGSS | 14,496 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAK | 14,497 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |

【１２９７】

【表１－６６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPEAAAKGGG | 14,498 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSEAAAK | 14,499 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAK | 14,500 | AVIRE_P03360 |
| EAAAKGGGGGS | 14,501 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,502 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 14,503 | MLVF5_P26810_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,504 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,505 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGSS | 14,506 | MLVMS_P03355 |
| PAPGSSGGS | 14,507 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,508 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| EAAAKGGG | 14,509 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 14,510 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGGS | 14,511 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSGGG | 14,512 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,513 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSS | 14,514 | FFV_O93209 |
| GGSGGSGGS | 14,515 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGS | 14,516 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGG | 14,517 | MLVF5_P26810_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,518 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPAPAPAP | 14,519 | FFV_O93209-Pro |
| PAP | 14,520 | MLVF5_P26810_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,521 | FFV_O93209_2mut |
| EAAAKGSS | 14,522 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGG | 14,523 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,524 | FFV_O93209_2mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,525 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| PAPGGGEAAAK | 14,526 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,527 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GSSGGG | 14,528 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,529 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSS | 14,530 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 14,531 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPAPAP | 14,532 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSPAP | 14,533 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSPAP | 14,534 | AVIRE_P03360 |
| GGSGGGPAP | 14,535 | FFV_O93209 |
| GSSEAAAK | 14,536 | PERV_Q4VFZ2 |

【１２９８】

【表１－６７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGGPAP | 14,537 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSEAAAK | 14,538 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,539 | SFVCP_Q87040 |
| GGSGGGPAP | 14,540 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,541 | BLVJ_P03361_2mutB |
| GGGGSSPAP | 14,542 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGS | 14,543 | MLVF5_P26810_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,544 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,545 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 14,546 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGS | 14,547 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGGG | 14,548 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,549 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGGPAP | 14,550 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 14,551 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSPAP | 14,552 | KORV_Q9TTC1 |
| EAAAKPAPGSS | 14,553 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 14,554 | SFV1_P23074 |
| GSSPAP | 14,555 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSPAPGGG | 14,556 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,557 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGPAPGGS | 14,558 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGG | 14,559 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGG | 14,560 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 14,561 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 14,562 | FFV_O93209 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,563 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,564 | SFV1_P23074_2mut |
| EAAAKGGSPAP | 14,565 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGS | 14,566 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 14,567 | GALV_P21414 |
| GSSGGGPAP | 14,568 | MLVAV_P03356 |
| PAPEAAAKGGS | 14,569 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKPAPGGG | 14,570 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSPAP | 14,571 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,572 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSS | 14,573 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSPAPGGG | 14,574 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKPAPGSS | 14,575 | SFV3L_P27401 |

【１２９９】

【表１－６８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKPAP | 14,576 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,577 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 14,578 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGEAAAKGSS | 14,579 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,580 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGSS | 14,581 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,582 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,583 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGGSEAAAK | 14,584 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGS | 14,585 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 14,586 | MLVMS_P03355 |
| PAPEAAAKGGS | 14,587 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSPAP | 14,588 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSPAP | 14,589 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAK | 14,590 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSS | 14,591 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,592 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPGGS | 14,593 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 14,594 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSSGGS | 14,595 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,596 | SFV1_P23074 |
| GGSEAAAKGGG | 14,597 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSGGS | 14,598 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGGGGS | 14,599 | MLVF5_P26810_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,600 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,601 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGPAPGSS | 14,602 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,603 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,604 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGSSGGS | 14,605 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 14,606 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,607 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,608 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAP | 14,609 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSEAAAK | 14,610 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,611 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGGGGSS | 14,612 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 14,613 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGSSGGS | 14,614 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１３００】

【表１－６９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,615 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGPAP | 14,616 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,617 | FFV_O93209_2mut |
| GSSEAAAK | 14,618 | FFV_O93209 |
| GGSPAPEAAAK | 14,619 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,620 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSPAPGGS | 14,621 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSS | 14,622 | SFVCP_Q87040_2mut |
| EAAAKPAP | 14,623 | FOAMV_P14350-Pro |
| EAAAKGGG | 14,624 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAK | 14,625 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGSSGGG | 14,626 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 14,627 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGSGGG | 14,628 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 14,629 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGPAPGSS | 14,630 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGGEAAAK | 14,631 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSS | 14,632 | SFV1_P23074_2mut |
| GGSEAAAK | 14,633 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 14,634 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,635 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,636 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 14,637 | FFV_O93209_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,638 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGSS | 14,639 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,640 | BLVJ_P03361_2mut |
| GGGGSSGGS | 14,641 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 14,642 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKPAP | 14,643 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSGGGEAAAK | 14,644 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGGSGGG | 14,645 | BAEVM_P10272 |
| EAAAKGGGPAP | 14,646 | MLVF5_P26810 |
| GSSGSSGSS | 14,647 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSGGS | 14,648 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,649 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKGGS | 14,650 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGSGSSGGG | 14,651 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAK | 14,652 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGSPAP | 14,653 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |

【１３０１】

【表１－７０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSGGS | 14,654 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGGSGGG | 14,655 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGPAPGGS | 14,656 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,657 | FLV_P10273_3mut |
| GGSGSSPAP | 14,658 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAKGGS | 14,659 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGG | 14,660 | SFV3L_P27401_2mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 14,661 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGS | 14,662 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 14,663 | WMSV_P03359 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,664 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,665 | FFV_O93209 |
| GGGGGG | 14,666 | SFV1_P23074_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,667 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAPGSS | 14,668 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 14,669 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSEAAAK | 14,670 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 14,671 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGPAPGSS | 14,672 | SFV1_P23074 |
| GGGGGSEAAAK | 14,673 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 14,674 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GSSGSSGSSGSS | 14,675 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKPAP | 14,676 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAK | 14,677 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGS | 14,678 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGSSGGS | 14,679 | MMTVB_P03365 |
| SGSETPGTSESATPES | 14,680 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGSSGGG | 14,681 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,682 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGGPAP | 14,683 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPAPAPAP | 14,684 | SFV3L_P27401 |
| GGGEAAAKGGS | 14,685 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGSGGG | 14,686 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 14,687 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGEAAAKGSS | 14,688 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,689 | MLVBM_Q7SVK7 |
| PAPGSSGGG | 14,690 | FLV_P10273 |
| GGSGSSGGG | 14,691 | FFV_O93209 |
| EAAAKPAPGSS | 14,692 | MLVBM_Q7SVK7 |

【１３０２】

【表１－７１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSEAAAKGGG | 14,693 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,694 | MLVF5_P26810 |
| GGSEAAAKPAP | 14,695 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGGSPAP | 14,696 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGGGGS | 14,697 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,698 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPAP | 14,699 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 14,700 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGSGSS | 14,701 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,702 | FFV_O93209_2mut |
| GSS | 14,703 | MLVMS_P03355 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,704 | SFV3L_P27401-Pro |
| PAPGGGEAAAK | 14,705 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGGGGS | 14,706 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPGGSGSS | 14,707 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,708 | FFV_O93209 |
| GGSEAAAKPAP | 14,709 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGGG | 14,710 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,711 | SFV3L_P27401 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,712 | SFV1_P23074-Pro |
| SGSETPGTSESATPES | 14,713 | AVIRE_P03360 |
| PAPGSSGGG | 14,714 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,715 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGGEAAAK | 14,716 | SFV1_P23074 |
| GGSGGG | 14,717 | AVIRE_P03360 |
| EAAAKGSSGGG | 14,718 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,719 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGPAPGSS | 14,720 | WMSV_P03359 |
| EAAAKGSSGGG | 14,721 | MLVMS_P03355 |
| GGGGGSEAAAK | 14,722 | MLVMS_P03355 |
| EAAAKPAPGGS | 14,723 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGSSPAP | 14,724 | SFV3L_P27401 |
| GGGGGGG | 14,725 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,726 | SFV3L_P27401 |
| GSSPAPGGS | 14,727 | FFV_O93209_2mutA |
| GGGGSSEAAAK | 14,728 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSEAAAKGSS | 14,729 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 14,730 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 14,731 | MLVCB_P08361 |

【１３０３】

【表１－７２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,732 | SFV1_P23074-Pro |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,733 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSPAPGGS | 14,734 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 14,735 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGGSPAP | 14,736 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGS | 14,737 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 14,738 | WMSV_P03359 |
| PAPGGGGSS | 14,739 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSSGGS | 14,740 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGS | 14,741 | FFV_O93209_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,742 | XMRV6_A1Z651 |
| GGSGSSEAAAK | 14,743 | SFV1_P23074_2mut |
| GGSGGGGSS | 14,744 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,745 | MLVBM_Q7SVK7 |
| EAAAKGGSPAP | 14,746 | SFV1_P23074_2mutA |
| PAPAPAPAP | 14,747 | FFV_O93209 |
| GSSGGSPAP | 14,748 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGSPAP | 14,749 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,750 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSGGSPAP | 14,751 | BAEVM_P10272 |
| GGGGG | 14,752 | FFV_O93209 |
| GGGGGS | 14,753 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,754 | FOAMV_P14350 |
| PAPGGG | 14,755 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 14,756 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGSPAPGGG | 14,757 | FLV_P10273_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,758 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGSPAPEAAAK | 14,759 | SFV3L_P27401 |
| PAPGGGGSS | 14,760 | HTL3P_Q4U0X6_2mutB |
| GGGGSSEAAAK | 14,761 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| PAPGGS | 14,762 | MLVRD_P11227_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,763 | MMTVB_P03365 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,764 | AVIRE_P03360 |
| GSSGGS | 14,765 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGGGSS | 14,766 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGGGSS | 14,767 | WMSV_P03359 |
| PAPEAAAKGSS | 14,768 | SFV1_P23074 |
| GSSGSSGSSGSS | 14,769 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,770 | SFV3L_P27401 |

【１３０４】

【表１－７３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPGSSGGG | 14,771 | FLV_P10273_3mut |
| GGSGSSPAP | 14,772 | MLVMS_P03355 |
| GGSGGGPAP | 14,773 | FOAMV_P14350 |
| PAPGGGGGS | 14,774 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,775 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGSSPAP | 14,776 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGSS | 14,777 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,778 | WMSV_P03359 |
| GGGGGGGG | 14,779 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKEAAAK | 14,780 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GGGEAAAKGGS | 14,781 | MLVBM_Q7SVK7 |
| EAAAKGGSPAP | 14,782 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAK | 14,783 | XMRV6_A1Z651 |
| PAPGGGEAAAK | 14,784 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSPAP | 14,785 | GALV_P21414_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,786 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 14,787 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGS | 14,788 | HTL32_Q0R5R2_2mut |
| GGSGGGGSS | 14,789 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,790 | SFVCP_Q87040_2mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,791 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,792 | MMTVB_P03365 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,793 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 14,794 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKEAAAK | 14,795 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,796 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,797 | GALV_P21414_3mutA |
| GSSGGSPAP | 14,798 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,799 | MLVAV_P03356 |
| GGGEAAAKPAP | 14,800 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,801 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGPAPGSS | 14,802 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,803 | AVIRE_P03360 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,804 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| EAAAKGSSGGS | 14,805 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGGG | 14,806 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSPAPGGS | 14,807 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSPAP | 14,808 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 14,809 | SFV3L_P27401 |

【１３０５】

【表１－７４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGGEAAAK | 14,810 | WMSV_P03359 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,811 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,812 | MLVMS_P03355 |
| GGG | 14,813 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGS | 14,814 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,815 | FFV_O93209_2mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,816 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGGG | 14,817 | XMRV6_A1Z651 |
| PAPAPAPAPAP | 14,818 | FOAMV_P14350 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,819 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGSGGGPAP | 14,820 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGGG | 14,821 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKPAPGSS | 14,822 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSSGGS | 14,823 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,824 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSSPAP | 14,825 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPGSSGGS | 14,826 | MMTVB_P03365 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 14,827 | SRV2_P51517 |
| PAPAPAP | 14,828 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| PAPGGGGGS | 14,829 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GGGGSS | 14,830 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,831 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,832 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGGG | 14,833 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGGEAAAK | 14,834 | SFV3L_P27401 |
| PAPGSS | 14,835 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,836 | SFVCP_Q87040_2mutA |
| GSSGGSGGG | 14,837 | XMRV6_A1Z651 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,838 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GSSEAAAKGGG | 14,839 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,840 | SFV3L_P27401-Pro |
| GSSGGSGGG | 14,841 | SFV1_P23074_2mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,842 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGGG | 14,843 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGG | 14,844 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,845 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGGSPAP | 14,846 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,847 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,848 | KORV_Q9TTC1-Pro |

【１３０６】

【表１－７５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,849 | SFVCP_Q87040 |
| PAPGSSEAAAK | 14,850 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GSSGSSGSS | 14,851 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGGGPAP | 14,852 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,853 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAK | 14,854 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGSSGSSGSS | 14,855 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 14,856 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAPEAAAK | 14,857 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,858 | GALV_P21414 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,859 | FOAMV_P14350 |
| GGGPAPEAAAK | 14,860 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGSGGG | 14,861 | MLVF5_P26810_3mutA |
| PAPGGSGGG | 14,862 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,863 | SFV3L_P27401 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,864 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSPAPGGG | 14,865 | MPMV_P07572_2mutB |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,866 | FOAMV_P14350 |
| GGSGGGGSS | 14,867 | BLVJ_P03361_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,868 | SFV1_P23074-Pro |
| GGG | 14,869 | FFV_O93209 |
| EAAAKGGGGSS | 14,870 | SFV1_P23074_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,871 | SRV2_P51517 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,872 | MMTVB_P03365 |
| GGGEAAAKGGS | 14,873 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGSS | 14,874 | SFV1_P23074 |
| GSSGGGGGS | 14,875 | SFV3L_P27401 |
| GGGGSSEAAAK | 14,876 | SFV1_P23074 |
| EAAAKGSSGGS | 14,877 | HTL1A_P03362_2mutB |
| GSSEAAAKGGS | 14,878 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,879 | SFV1_P23074 |
| EAAAKPAPGSS | 14,880 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPGSSGGG | 14,881 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,882 | SFV3L_P27401-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,883 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSSEAAAK | 14,884 | MLVF5_P26810_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 14,885 | GALV_P21414 |
| PAPEAAAKGSS | 14,886 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGGGGGS | 14,887 | SFVCP_Q87040_2mut |

【１３０７】

【表１－７６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSPAP | 14,888 | SFV1_P23074 |
| EAAAKGGGGSS | 14,889 | XMRV6_A1Z651 |
| PAPAPAPAP | 14,890 | MMTVB_P03365 |
| GGSEAAAKGSS | 14,891 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSPAPGGG | 14,892 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGG | 14,893 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSGGSGGS | 14,894 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,895 | WMSV_P03359 |
| GSSPAP | 14,896 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GGGGGSGSS | 14,897 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| EAAAKGSSGGS | 14,898 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| EAAAK | 14,899 | FFV_O93209_2mutA |
| PAPEAAAK | 14,900 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKGGSGSS | 14,901 | SFV3L_P27401 |
| GGSGGSGGS | 14,902 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGGGEAAAK | 14,903 | MMTVB_P03365 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,904 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,905 | HTL1L_P0C211_2mutB |
| GGGEAAAK | 14,906 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGGSGSS | 14,907 | MMTVB_P03365 |
| GSSPAPGGS | 14,908 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKGSS | 14,909 | MLVMS_P03355 |
| GSSGGSGGG | 14,910 | FFV_O93209-Pro |
| GGSGGGGSS | 14,911 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GGSPAPGSS | 14,912 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,913 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,914 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGSGGSGGS | 14,915 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,916 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,917 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPEAAAK | 14,918 | WDSV_O92815 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,919 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,920 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSPAPEAAAK | 14,921 | FOAMV_P14350 |
| GSSGSS | 14,922 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGG | 14,923 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,924 | FFV_O93209_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,925 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGSSPAP | 14,926 | WMSV_P03359 |

【１３０８】

【表１－７７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGGG | 14,927 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,928 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGGSSPAP | 14,929 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSGGSPAP | 14,930 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,931 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,932 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGGGGS | 14,933 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,934 | SFV1_P23074 |
| GGGEAAAKPAP | 14,935 | FFV_O93209 |
| PAPGGGEAAAK | 14,936 | SFV1_P23074 |
| GGSGGGEAAAK | 14,937 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGG | 14,938 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGSSGGS | 14,939 | FFV_O93209_2mut |
| GGGGG | 14,940 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGPAP | 14,941 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGSEAAAK | 14,942 | FFV_O93209 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,943 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGGEAAAK | 14,944 | SFV1_P23074_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,945 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,946 | FLV_P10273 |
| GGGGSGGGGS | 14,947 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,948 | SFV3L_P27401 |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,949 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSEAAAK | 14,950 | MLVF5_P26810_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 14,951 | SFV3L_P27401 |
| GGGPAPGGS | 14,952 | SFV3L_P27401 |
| GSSEAAAKGGS | 14,953 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKGGSGGG | 14,954 | HTL1L_P0C211 |
| GSSGGSPAP | 14,955 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPAP | 14,956 | FFV_O93209 |
| PAPGGSGSS | 14,957 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKGGGGGS | 14,958 | FOAMV_P14350_2mut |
| PAPEAAAKGGS | 14,959 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 14,960 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGS | 14,961 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,962 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| EAAAK | 14,963 | HTL1L_P0C211 |
| GSSPAP | 14,964 | MLVMS_P03355 |
| EAAAKPAPGGG | 14,965 | FFV_O93209-Pro_2mut |

【１３０９】

【表１－７８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,966 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| EAAAKGSSGGS | 14,967 | SFV3L_P27401 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,968 | FFV_O93209_2mutA |
| PAPEAAAKGGS | 14,969 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,970 | MMTVB_P03365 |
| GGS | 14,971 | MMTVB_P03365 |
| GGSEAAAKPAP | 14,972 | SFV1_P23074 |
| EAAAKGSSGGG | 14,973 | HTLV2_P03363_2mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,974 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGGS | 14,975 | FFV_O93209-Pro |
| GSSEAAAKGGS | 14,976 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAPAPAPAP | 14,977 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,978 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| PAPAPAPAP | 14,979 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,980 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGGSEAAAK | 14,981 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| GGSGGGPAP | 14,982 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,983 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKPAP | 14,984 | SFV1_P23074-Pro |
| GGGEAAAKGSS | 14,985 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGPAPGGS | 14,986 | AVIRE_P03360 |
| PAPGGG | 14,987 | MLVRD_P11227 |
| GGSEAAAKGSS | 14,988 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,989 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,990 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,991 | MLVAV_P03356 |
| EAAAKGGGPAP | 14,992 | JSRV_P31623_2mutB |
| EAAAKGGGGSS | 14,993 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,994 | SRV2_P51517 |
| GSSGGGGGS | 14,995 | FFV_O93209 |
| PAPAPAP | 14,996 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 14,997 | FOAMV_P14350 |
| GGGEAAAK | 14,998 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGS | 14,999 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGSGGS | 15,000 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGS | 15,001 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSS | 15,002 | BLVJ_P03361_2mut |
| PAPAP | 15,003 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| PAPGGG | 15,004 | SMRVH_P03364 |

【１３１０】

【表１－７９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGGGSS | 15,005 | SFV3L_P27401 |
| PAPAPAPAPAP | 15,006 | MMTVB_P03365 |
| GGGPAP | 15,007 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,008 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGPAP | 15,009 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 15,010 | SFV1_P23074 |
| GGGGSGGGGS | 15,011 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGSGGG | 15,012 | MLVF5_P26810 |
| GGGEAAAKPAP | 15,013 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPEAAAK | 15,014 | HTLV2_P03363_2mut |
| GSSGSSGSSGSS | 15,015 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 15,016 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPEAAAKGGG | 15,017 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGSEAAAKGSS | 15,018 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAPGGS | 15,019 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSGGSEAAAK | 15,020 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,021 | MLVF5_P26810_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 15,022 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGSGSS | 15,023 | HTL1A_P03362_2mutB |
| PAPAP | 15,024 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGGGSPAP | 15,025 | HTL1C_P14078_2mut |
| GGGPAP | 15,026 | HTLV2_P03363_2mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,027 | SFVCP_Q87040 |
| GGSEAAAKGGG | 15,028 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| GSSPAPGGS | 15,029 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GGGGGGG | 15,030 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGSS | 15,031 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,032 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,033 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGGSS | 15,034 | MMTVB_P03365 |
| GGGEAAAKGGS | 15,035 | SFV1_P23074 |
| PAPEAAAKGGG | 15,036 | MLVF5_P26810 |
| GGGGSSGGS | 15,037 | MMTVB_P03365 |
| GGSGSS | 15,038 | MMTVB_P03365 |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,039 | KORV_Q9TTC1 |
| EAAAKGGG | 15,040 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,041 | SRV2_P51517 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,042 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| GGGGSS | 15,043 | FOAMV_P14350_2mut |

【１３１１】

【表１－８０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPGGGEAAAK | 15,044 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGGGEAAAK | 15,045 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAP | 15,046 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGEAAAKGGS | 15,047 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGEAAAKGSS | 15,048 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GSSPAPEAAAK | 15,049 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,050 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| PAPGGG | 15,051 | SFV3L_P27401 |
| GSSEAAAKGGG | 15,052 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSSEAAAK | 15,053 | FOAMV_P14350_2mut |
| PAPGSSGGS | 15,054 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,055 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGSSGGG | 15,056 | MMTVB_P03365 |
| PAPGGGGSS | 15,057 | WDSV_O92815_2mutA |
| GGSPAP | 15,058 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 15,059 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| PAPAPAPAP | 15,060 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGG | 15,061 | HTL1A_P03362 |
| GGSGGSGGSGGS | 15,062 | SFV1_P23074_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,063 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPGGSEAAAK | 15,064 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| PAPAPAPAP | 15,065 | SFV1_P23074_2mut |
| PAPGGGGSS | 15,066 | MMTVB_P03365 |
| GGSGSS | 15,067 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,068 | MMTVB_P03365_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 15,069 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGGGGSS | 15,070 | SFVCP_Q87040-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGGGS | 15,071 | MLVAV_P03356 |
| GGGGGS | 15,072 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGEAAAKGGS | 15,073 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| EAAAKPAPGGG | 15,074 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GGSGGGPAP | 15,075 | FFV_O93209_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 15,076 | MMTVB_P03365 |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,077 | SFV1_P23074_2mut |
| GGSPAPGGG | 15,078 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGGEAAAK | 15,079 | MMTVB_P03365 |
| PAPAP | 15,080 | SFVCP_Q87040 |
| GSSEAAAK | 15,081 | SFVCP_Q87040 |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 15,082 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１２】

【表１－８１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSS | 15,083 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGGSGGG | 15,084 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSPAP | 15,085 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGEAAAK | 15,086 | SFV1_P23074-Pro |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,087 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGS | 15,088 | HTL1C_P14078_2mut |
| PAPGSSGGS | 15,089 | SFV1_P23074_2mut |
| PAPEAAAK | 15,090 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPAP | 15,091 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGS | 15,092 | HTL1A_P03362_2mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,093 | HTL1C_P14078 |
| EAAAKGSSGGS | 15,094 | FOAMV_P14350-Pro |
| PAPGGSGSS | 15,095 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGSEAAAK | 15,096 | SFV1_P23074_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 15,097 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPGSSGGG | 15,098 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 15,099 | AVIRE_P03360 |
| GGGGGG | 15,100 | SMRVH_P03364_2mut |
| PAPEAAAKGGG | 15,101 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGEAAAKGGS | 15,102 | SFVCP_Q87040_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 15,103 | SRV2_P51517 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,104 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGPAP | 15,105 | MLVAV_P03356 |
| PAPAPAPAPAP | 15,106 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| PAPGGSEAAAK | 15,107 | FOAMV_P14350 |
| GSSGGGPAP | 15,108 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGGGGSPAP | 15,109 | HTL3P_Q4U0X6_2mutB |
| GSSGGSGGG | 15,110 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAP | 15,111 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GSSGGGPAP | 15,112 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGSS | 15,113 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,114 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 15,115 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSSEAAAK | 15,116 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGSGSS | 15,117 | MMTVB_P03365_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,118 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,119 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGGGEAAAK | 15,120 | SFV1_P23074-Pro |
| PAPEAAAKGGG | 15,121 | MMTVB_P03365 |

【１３１３】

【表１－８２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,122 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGSEAAAK | 15,123 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GGSPAP | 15,124 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSEAAAK | 15,125 | FOAMV_P14350 |
| GSSEAAAK | 15,126 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGSSGGS | 15,127 | HTL1A_P03362_2mut |
| GGGEAAAKPAP | 15,128 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| EAAAKGGSPAP | 15,129 | FOAMV_P14350 |
| GSSEAAAKPAP | 15,130 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGSSGSS | 15,131 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,132 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAK | 15,133 | MMTVB_P03365 |
| PAPGSS | 15,134 | BAEVM_P10272 |
| PAPGGS | 15,135 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGSGGS | 15,136 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 15,137 | HTLV2_P03363_2mut |
| GGSGGGEAAAK | 15,138 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGSSGGG | 15,139 | HTL1A_P03362 |
| GGSGGS | 15,140 | SFV3L_P27401-Pro |
| GSSGSS | 15,141 | SFV1_P23074-Pro |
| PAPGGSEAAAK | 15,142 | MMTVB_P03365 |
| GSAGSAAGSGEF | 15,143 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGG | 15,144 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKGGSGSS | 15,145 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGGGEAAAK | 15,146 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSGGGPAP | 15,147 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,148 | WDSV_O92815 |
| SGSETPGTSESATPES | 15,149 | SFVCP_Q87040-Pro_2mutA |
| GGSGGSGGS | 15,150 | SFV1_P23074 |
| GGGGSS | 15,151 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 15,152 | MMTVB_P03365 |
| SGSETPGTSESATPES | 15,153 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPAPAP | 15,154 | SFV3L_P27401 |
| PAPEAAAKGSS | 15,155 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,156 | SRV2_P51517 |
| GGGPAPGSS | 15,157 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGSGGGGSS | 15,158 | MMTVB_P03365-Pro |
| SGSETPGTSESATPES | 15,159 | SRV2_P51517 |
| EAAAKGSSGGS | 15,160 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１４】

【表１－８３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSPAPEAAAK | 15,161 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSPAPEAAAK | 15,162 | SRV2_P51517 |
| GGGGSSPAP | 15,163 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGGEAAAK | 15,164 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| PAPEAAAKGGS | 15,165 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,166 | FOAMV_P14350-Pro |
| GGSPAPGSS | 15,167 | SFV3L_P27401 |
| GGGPAPGGS | 15,168 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGPAPGSS | 15,169 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAP | 15,170 | MLVBM_Q7SVK7 |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 15,171 | HTL1C_P14078 |
| GSSGGSEAAAK | 15,172 | SRV2_P51517 |
| PAPGGGGGS | 15,173 | SRV2_P51517 |
| GGGEAAAK | 15,174 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| EAAAKGGGPAP | 15,175 | HTL32_Q0R5R2 |
| GGSGSSGGG | 15,176 | MMTVB_P03365 |
| PAPEAAAKGSS | 15,177 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGGGGS | 15,178 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGGGGS | 15,179 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGS | 15,180 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,181 | HTL1C_P14078 |
| EAAAKGGSPAP | 15,182 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSSPAP | 15,183 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,184 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGS | 15,185 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGS | 15,186 | SRV2_P51517 |
| GGSGSSGGG | 15,187 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGSEAAAK | 15,188 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,189 | GALV_P21414 |
| GGSEAAAKGGG | 15,190 | MMTVB_P03365-Pro |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 15,191 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSEAAAKGGS | 15,192 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,193 | HTL3P_Q4U0X6_2mutB |
| GGGEAAAK | 15,194 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAPAPAP | 15,195 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGG | 15,196 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,197 | GALV_P21414 |
| GGSPAP | 15,198 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,199 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１５】

【表１－８４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPEAAAK | 15,200 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGG | 15,201 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGGGSEAAAK | 15,202 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| PAPAPAPAPAP | 15,203 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGSGSS | 15,204 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,205 | MLVRD_P11227_3mut |
| PAPAPAPAP | 15,206 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGPAPGSS | 15,207 | SFVCP_Q87040_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 15,208 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GGSPAPGGG | 15,209 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,210 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGS | 15,211 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGSSGGS | 15,212 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSGGGGS | 15,213 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGS | 15,214 | FOAMV_P14350 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,215 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,216 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| PAPGGGEAAAK | 15,217 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GSSGSS | 15,218 | JSRV_P31623_2mutB |
| EAAAKGGGGGS | 15,219 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSPAPEAAAK | 15,220 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGEAAAK | 15,221 | HTL1C_P14078 |
| PAPEAAAKGSS | 15,222 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGGGSSEAAAK | 15,223 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGS | 15,224 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGGGGS | 15,225 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,226 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGGSS | 15,227 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGGEAAAKGGS | 15,228 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GGGGGSPAP | 15,229 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| GGSGGGEAAAK | 15,230 | SFV3L_P27401-Pro |
| PAPGGGGGS | 15,231 | SFV3L_P27401-Pro |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,232 | MMTVB_P03365 |
| PAPEAAAKGSS | 15,233 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKGGG | 15,234 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 15,235 | SMRVH_P03364_2mutB |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 15,236 | HTL1L_P0C211_2mut |
| GGGGGG | 15,237 | WDSV_O92815 |
| GGGGGSGSS | 15,238 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１６】

【表１－８５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKPAP | 15,239 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGPAPGSS | 15,240 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGGGS | 15,241 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSPAPEAAAK | 15,242 | MMTVB_P03365 |
| PAPEAAAKGGS | 15,243 | HTL1A_P03362 |
| EAAAKGGSGSS | 15,244 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGPAPEAAAK | 15,245 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPGGGGSS | 15,246 | HTL32_Q0R5R2_2mut |
| GSSPAPGGG | 15,247 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,248 | BLVAU_P25059_2mut |
| EAAAKGGGGGS | 15,249 | HTL1L_P0C211 |
| GGSEAAAKGSS | 15,250 | JSRV_P31623_2mutB |
| GSSGGG | 15,251 | JSRV_P31623 |
| GGSGGSGGSGGS | 15,252 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAP | 15,253 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGGSSGGS | 15,254 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGGS | 15,255 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKGGGGGS | 15,256 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,257 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGSGGS | 15,258 | MMTVB_P03365 |
| GGGGGSEAAAK | 15,259 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GGSGSSPAP | 15,260 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 15,261 | JSRV_P31623 |
| PAPEAAAKGGS | 15,262 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGSSEAAAK | 15,263 | FOAMV_P14350 |
| GGGGGSGSS | 15,264 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GGGPAPGGS | 15,265 | MMTVB_P03365 |
| SGSETPGTSESATPES | 15,266 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GSSPAPGGS | 15,267 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,268 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGPAP | 15,269 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGG | 15,270 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGEAAAKPAP | 15,271 | MMTVB_P03365 |
| PAPGGSGGG | 15,272 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,273 | WDSV_O92815_2mut |
| GGSGGG | 15,274 | HTL32_Q0R5R2_2mut |
| EAAAKGGSPAP | 15,275 | HTLV2_P03363_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,276 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSEAAAK | 15,277 | MMTVB_P03365_2mut |

【１３１７】

【表１－８６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSAGSAAGSGEF | 15,278 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGGSGSS | 15,279 | FFV_O93209 |
| GGSEAAAKGGG | 15,280 | MMTVB_P03365 |
| GGSPAPGSS | 15,281 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,282 | SFV3L_P27401 |
| PAPEAAAKGGG | 15,283 | HTL1A_P03362_2mutB |
| GGGEAAAKPAP | 15,284 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAK | 15,285 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGGEAAAKGSS | 15,286 | MPMV_P07572 |
| GGGGGSEAAAK | 15,287 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAPAPAPAP | 15,288 | SFVCP_Q87040-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 15,289 | HTL1L_P0C211_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,290 | HTL3P_Q4U0X6 |
| PAPGGSEAAAK | 15,291 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| PAPAPAPAPAP | 15,292 | HTL1A_P03362 |
| EAAAKPAPGGG | 15,293 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGSEAAAK | 15,294 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGEAAAKGSS | 15,295 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGSPAPGSS | 15,296 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKPAP | 15,297 | MLVBM_Q7SVK7 |
| PAPEAAAKGGG | 15,298 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSEAAAKPAP | 15,299 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,300 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GSSEAAAKGGS | 15,301 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,302 | SRV2_P51517_2mutB |
| GGGGGSPAP | 15,303 | HTL1L_P0C211_2mut |
| GGSEAAAK | 15,304 | MMTVB_P03365 |
| GSSPAPEAAAK | 15,305 | SMRVH_P03364_2mutB |
| GGGPAPGGS | 15,306 | HTL1C_P14078_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,307 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSEAAAKPAP | 15,308 | HTL1A_P03362_2mut |
| PAPAPAPAP | 15,309 | HTLV2_P03363_2mut |
| GSSPAPGGG | 15,310 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSS | 15,311 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKGSS | 15,312 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGSSGGG | 15,313 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,314 | JSRV_P31623_2mutB |
| GGSEAAAKPAP | 15,315 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,316 | HTLV2_P03363_2mut |

【１３１８】

【表１－８７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,317 | WDSV_O92815_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,318 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSSEAAAK | 15,319 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGGEAAAK | 15,320 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,321 | WDSV_O92815_2mut |
| GGSGSSEAAAK | 15,322 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| GGSEAAAKPAP | 15,323 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGGGEAAAK | 15,324 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GSSGGS | 15,325 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 15,326 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GSSGGSEAAAK | 15,327 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 15,328 | SRV2_P51517_2mutB |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 15,329 | BLVAU_P25059 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,330 | HTL1C_P14078_2mut |
| EAAAKGGGGSS | 15,331 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GGGEAAAKGSS | 15,332 | SFVCP_Q87040-Pro |

【１３１９】

実施例３：ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞における遺伝子組換えポリペプチドのプールスクリーニングの配列決定分析

この実施例は、ゲノムＤＮＡを編集することが可能ないくつかの種類の遺伝子組換えポリペプチドの同定及び特性決定を説明する。

【１３２０】

ゲノムＤＮＡを、実施例２におけるソート及び非ソート細胞集団のプールから抽出し、実施例１に記載されるように分析した。具体的には、ＤＮＡライブラリーを、候補遺伝子組換えポリペプチド配列のＰＣＲ増幅によって作製した。ライブラリーを、Ｌｉｇａｔｉｏｎ ＳＱＫ－ＬＳＫ１１０によるＯｘｆｏｒｄ Ｎａｎｏｐｏｒｅ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ ｓｅｑｕｅｎｃｅｒ ｐｒｏｔｏｃｏｌ Ａｍｐｌｉｃｏｎｓを用いたロングリード配列決定を用いて配列決定した。未加工シーケンシングリードを、ＭｉｎＫＮＯＷ（Ｏｘｆｏｒｄ Ｎａｎｏｐｏｒｅ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ）を用いて処理して、ベースコーリング及び標準的な品質フィルタリングを行った。次に、フィルタリングされたシーケンシングリードを、全ての可能なライブラリー候補のための完全長ＤＮＡ配列からなる参照に対してマッピングした。マッピングの後、データを更に処理して、マッピング信頼性を向上させるために、最小及び最大長さ、過剰な切断、キメラ現象、及び最小の配列同一性についての要件を満たさないリードを除去した。次に、生存データを、配列決定深度について調整するために百万当たりのカウントに対して正規化した。非ソート集団からの正規化されたカウントを、各候補についての富化の倍率変化を計算するためのそれらのそれぞれのソート集団についてのベースラインとして使用した。最後に、倍率変化値を、$\log_2$換算し、Ｚスコアを正規化した。

【１３２１】

いくつかのリンカーと共に、高い編集活性を有するＭＬＶＭＳ ＲＴを含む遺伝子組換えポリペプチドをコードするレンチウイルスプールに感染させた細胞を、陽性対照として使用し、低い編集活性を有するＭＭＴＶＢ ＲＴを含む遺伝子組換えポリペプチドをコードするレンチウイルスプールに感染させた細胞を、陰性対照として使用して、配列決定分析が公知の編集アッセイ結果と一致することを確認した（図４Ａ～４Ｃ）。結果は、アッセイが、高活性ＲＴ及び低活性ＲＴを含む遺伝子組換えポリペプチドを区別したことを示

した（図４Ａ～４Ｂ）。結果は、選択された陽性対照ＲＴ及び陰性対照ＲＴに関連する活性傾向が、例えば、試験される複数のリンカーにわたるＭＬＶＭＳ　ＲＴ配列のそれぞれ及びＭＭＴＶＢ　ＲＴ配列のそれぞれについて、試験される所与のＲＴファミリーの全てのメンバーにわたって一致することを更に示した（図４Ｃ）。これらのデータは、ＲＴドメインの同一性が、遺伝子組換えポリペプチドの編集活性の決定における重要な役割を果たすことを示す。

【１３２２】

試験される遺伝子組換えライブラリー候補のゲノム編集能力を、２つの異なる鋳型及び２つの異なる細胞株を用いた４つの条件：ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での鋳型ｇ４（条件１）、Ｕ２ＯＳ細胞内での鋳型ｇ４（条件２）、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での鋳型ｇ１０（条件３）、及びＵ２ＯＳ細胞内での鋳型ｇ１０（条件４）にわたって評価した。ゲノム編集活性を、バイオリン図においてｌｏｇ２（倍率変化ＣＰＭ）としてプロットし、候補についてのデータを、ＲＴファミリーによってソートした（図５Ａ～５Ｄ）。結果は、アッセイにおいて試験される１７の異なるレトロウイルスＲＴファミリーからのＲＴ配列と対合されたリンカーを含む遺伝子組換え候補についての編集活性を示した：ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６。対照的に、試験される他のＲＴファミリーからのＲＴ配列を有する遺伝子組換え候補は、編集活性が欠如しているか、又はより低いレベルの編集活性を有していた。回帰分析は、遺伝子組換えポリペプチド候補の編集活性が、ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ条件間で（図６）並びに鋳型ｇ４及びｇ１０間で（図７）相関性があったことを示した。全ての候補遺伝子組換えポリペプチドの全体的な活性傾向は、編集活性が、試験される４つの条件間で一致したままであることを示し、これは、遺伝子組換えポリペプチド編集活性が、異なる細胞型及び鋳型間で移行し得ることを示唆している。

【１３２３】

試験される４つの条件からのデータを分析して、ゲノム編集活性の一貫した及びロバストな証拠を示す遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを選択した。すなわち、選択される候補は、ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞内での鋳型ｇ４条件（それぞれ条件１及び２）及びＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ１０条件（条件３）の１つ又は複数において１以上の富化Ｚスコアを示すことが求められた。Ｕ２ＯＳ細胞内での試験鋳型ｇ１０条件（条件４）からのデータは、初期分析から省略された。例示的な選択分析が、図１４においてグラフで示され、これは、試験鋳型ｇ４についての両方の細胞型及びＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ１０についてのＨＥＫ２９３Ｔ細胞にわたって高いゲノム編集活性を示す遺伝子組換え候補を示す。

【１３２４】

ライブラリー内の約３１８０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、条件１、２、又は３のいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、スクリーニングアッセイの少なくとも１つの条件において編集活性を有していたことを示す（図１４、淡色及び暗色のドット）。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ１に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３２５】

【表Ｄ１－１】

表D1. 条件1、2、又は3のいずれか1つにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 255 | 631 | 964 | 1208 | 1551 | 1803 | 2028 | 2324 | 2563 | 2781 | 3001 | 4524 | 6434 | 6879 | 7296 |
| 2 | 256 | 636 | 965 | 1209 | 1552 | 1804 | 2029 | 2325 | 2564 | 2782 | 3002 | 4525 | 6439 | 6881 | 7298 |
| 3 | 257 | 645 | 966 | 1210 | 1553 | 1805 | 2030 | 2326 | 2565 | 2783 | 3003 | 4526 | 6442 | 6882 | 7299 |
| 4 | 258 | 647 | 967 | 1211 | 1555 | 1806 | 2031 | 2327 | 2566 | 2784 | 3005 | 4527 | 6443 | 6883 | 7301 |
| 5 | 259 | 648 | 968 | 1212 | 1556 | 1808 | 2033 | 2328 | 2567 | 2785 | 3007 | 4528 | 6444 | 6884 | 7302 |
| 6 | 261 | 649 | 969 | 1213 | 1557 | 1809 | 2034 | 2329 | 2568 | 2786 | 3008 | 4529 | 6445 | 6885 | 7305 |
| 7 | 262 | 650 | 970 | 1214 | 1558 | 1810 | 2035 | 2330 | 2569 | 2787 | 3009 | 4530 | 6449 | 6886 | 7306 |
| 9 | 263 | 651 | 971 | 1215 | 1559 | 1811 | 2037 | 2331 | 2570 | 2788 | 3010 | 4531 | 6453 | 6887 | 7307 |
| 10 | 264 | 652 | 972 | 1216 | 1561 | 1813 | 2038 | 2332 | 2571 | 2789 | 3011 | 4532 | 6454 | 6890 | 7311 |
| 13 | 265 | 653 | 973 | 1217 | 1563 | 1816 | 2039 | 2333 | 2572 | 2790 | 3012 | 4533 | 6457 | 6891 | 7312 |
| 14 | 268 | 656 | 974 | 1218 | 1564 | 1817 | 2041 | 2334 | 2573 | 2791 | 3014 | 4534 | 6458 | 6896 | 7313 |
| 17 | 269 | 657 | 975 | 1219 | 1565 | 1818 | 2042 | 2335 | 2574 | 2792 | 3015 | 4535 | 6462 | 6897 | 7314 |
| 19 | 270 | 659 | 976 | 1220 | 1566 | 1819 | 2045 | 2336 | 2575 | 2793 | 3016 | 4536 | 6465 | 6898 | 7317 |
| 22 | 271 | 661 | 977 | 1221 | 1567 | 1824 | 2048 | 2337 | 2576 | 2794 | 3017 | 4537 | 6478 | 6901 | 7320 |
| 33 | 273 | 662 | 978 | 1222 | 1568 | 1825 | 2049 | 2338 | 2577 | 2795 | 3018 | 4538 | 6479 | 6902 | 7322 |
| 34 | 274 | 663 | 979 | 1223 | 1570 | 1827 | 2050 | 2339 | 2578 | 2796 | 3019 | 4539 | 6480 | 6904 | 7323 |
| 35 | 278 | 664 | 980 | 1224 | 1571 | 1828 | 2051 | 2340 | 2579 | 2797 | 3020 | 4540 | 6486 | 6905 | 7326 |
| 36 | 279 | 667 | 981 | 1225 | 1572 | 1829 | 2052 | 2341 | 2580 | 2798 | 3021 | 4541 | 6488 | 6907 | 7328 |
| 37 | 280 | 668 | 982 | 1226 | 1573 | 1831 | 2053 | 2342 | 2581 | 2799 | 3022 | 6001 | 6491 | 6908 | 7329 |
| 38 | 281 | 670 | 983 | 1227 | 1574 | 1834 | 2054 | 2343 | 2582 | 2800 | 3025 | 6004 | 6492 | 6910 | 7335 |
| 39 | 283 | 677 | 984 | 1228 | 1576 | 1838 | 2055 | 2344 | 2583 | 2801 | 3026 | 6007 | 6495 | 6911 | 7336 |
| 40 | 285 | 679 | 985 | 1229 | 1577 | 1840 | 2056 | 2345 | 2584 | 2802 | 3027 | 6008 | 6497 | 6915 | 7339 |
| 41 | 290 | 687 | 986 | 1230 | 1578 | 1842 | 2057 | 2346 | 2585 | 2803 | 3028 | 6012 | 6499 | 6917 | 7342 |
| 42 | 293 | 689 | 987 | 1231 | 1579 | 1843 | 2058 | 2347 | 2586 | 2804 | 3030 | 6013 | 6501 | 6919 | 7343 |
| 43 | 294 | 690 | 988 | 1232 | 1580 | 1844 | 2060 | 2348 | 2587 | 2805 | 3031 | 6014 | 6502 | 6923 | 7345 |
| 44 | 295 | 694 | 989 | 1233 | 1581 | 1845 | 2061 | 2349 | 2588 | 2806 | 3033 | 6015 | 6503 | 6925 | 7346 |
| 45 | 298 | 700 | 990 | 1234 | 1582 | 1846 | 2062 | 2350 | 2589 | 2807 | 3034 | 6021 | 6505 | 6928 | 7347 |
| 46 | 300 | 707 | 991 | 1235 | 1583 | 1847 | 2069 | 2351 | 2590 | 2808 | 3035 | 6022 | 6511 | 6930 | 7349 |

【１３２６】

【表Ｄ１－２】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 47 | 302 | 711 | 992 | 1236 | 1585 | 1848 | 2070 | 2352 | 2591 | 2809 | 3036 | 6023 | 6512 | 6932 | 7350 |
| 48 | 303 | 715 | 993 | 1237 | 1588 | 1849 | 2071 | 2353 | 2592 | 2810 | 3037 | 6024 | 6515 | 6933 | 7352 |
| 49 | 304 | 716 | 994 | 1238 | 1590 | 1850 | 2074 | 2354 | 2593 | 2811 | 3038 | 6025 | 6520 | 6942 | 7357 |
| 50 | 305 | 717 | 996 | 1239 | 1593 | 1851 | 2075 | 2355 | 2594 | 2812 | 3039 | 6026 | 6524 | 6943 | 7358 |
| 51 | 306 | 720 | 997 | 1240 | 1594 | 1852 | 2076 | 2356 | 2595 | 2813 | 3040 | 6028 | 6525 | 6951 | 7360 |
| 52 | 308 | 726 | 999 | 1241 | 1597 | 1853 | 2081 | 2357 | 2596 | 2814 | 3041 | 6029 | 6527 | 6952 | 7361 |
| 53 | 309 | 727 | 1000 | 1242 | 1598 | 1855 | 2082 | 2358 | 2597 | 2815 | 3042 | 6030 | 6529 | 6963 | 7362 |
| 54 | 310 | 728 | 1002 | 1243 | 1600 | 1856 | 2084 | 2359 | 2598 | 2816 | 3043 | 6031 | 6530 | 6966 | 7364 |
| 55 | 311 | 729 | 1003 | 1245 | 1604 | 1857 | 2086 | 2360 | 2599 | 2817 | 3044 | 6036 | 6531 | 6968 | 7368 |
| 56 | 312 | 731 | 1004 | 1246 | 1605 | 1858 | 2089 | 2361 | 2600 | 2818 | 3045 | 6043 | 6532 | 6969 | 7369 |
| 57 | 313 | 738 | 1005 | 1247 | 1606 | 1859 | 2090 | 2362 | 2601 | 2819 | 3046 | 6045 | 6533 | 6972 | 7370 |
| 58 | 315 | 739 | 1006 | 1248 | 1607 | 1860 | 2091 | 2363 | 2603 | 2820 | 3047 | 6048 | 6535 | 6978 | 7371 |
| 59 | 316 | 745 | 1007 | 1250 | 1608 | 1861 | 2092 | 2364 | 2604 | 2821 | 3048 | 6051 | 6540 | 6980 | 7372 |
| 60 | 317 | 765 | 1008 | 1251 | 1610 | 1862 | 2093 | 2365 | 2605 | 2822 | 3049 | 6054 | 6542 | 6982 | 7374 |
| 61 | 318 | 766 | 1009 | 1252 | 1611 | 1863 | 2094 | 2366 | 2606 | 2823 | 3050 | 6056 | 6549 | 6984 | 7377 |
| 62 | 319 | 767 | 1010 | 1253 | 1612 | 1864 | 2095 | 2367 | 2608 | 2824 | 3051 | 6057 | 6551 | 6990 | 7378 |
| 63 | 320 | 768 | 1011 | 1254 | 1616 | 1865 | 2096 | 2368 | 2610 | 2825 | 3052 | 6058 | 6552 | 6993 | 7381 |
| 64 | 321 | 769 | 1012 | 1255 | 1617 | 1866 | 2103 | 2369 | 2611 | 2826 | 3053 | 6059 | 6555 | 6998 | 7383 |
| 65 | 322 | 770 | 1013 | 1256 | 1618 | 1867 | 2104 | 2370 | 2612 | 2827 | 3054 | 6061 | 6558 | 6999 | 7384 |
| 66 | 323 | 771 | 1014 | 1257 | 1619 | 1868 | 2105 | 2371 | 2613 | 2828 | 3055 | 6063 | 6559 | 7001 | 7387 |
| 67 | 324 | 772 | 1015 | 1258 | 1620 | 1869 | 2108 | 2372 | 2614 | 2829 | 3056 | 6067 | 6561 | 7006 | 7388 |
| 68 | 325 | 773 | 1016 | 1259 | 1621 | 1870 | 2111 | 2373 | 2615 | 2830 | 3057 | 6068 | 6563 | 7009 | 7389 |
| 69 | 327 | 774 | 1017 | 1261 | 1622 | 1871 | 2112 | 2374 | 2616 | 2831 | 3058 | 6071 | 6565 | 7013 | 7393 |
| 70 | 328 | 775 | 1018 | 1262 | 1623 | 1872 | 2113 | 2375 | 2617 | 2832 | 3059 | 6072 | 6567 | 7015 | 7394 |
| 72 | 329 | 776 | 1019 | 1263 | 1625 | 1873 | 2114 | 2376 | 2618 | 2833 | 3060 | 6073 | 6568 | 7023 | 7396 |
| 73 | 330 | 780 | 1020 | 1264 | 1626 | 1874 | 2115 | 2377 | 2619 | 2834 | 3061 | 6074 | 6572 | 7024 | 7397 |
| 74 | 331 | 782 | 1021 | 1265 | 1627 | 1875 | 2117 | 2378 | 2620 | 2835 | 3062 | 6079 | 6575 | 7025 | 7402 |
| 75 | 332 | 783 | 1022 | 1266 | 1628 | 1876 | 2121 | 2379 | 2621 | 2836 | 3063 | 6080 | 6577 | 7026 | 7403 |
| 76 | 333 | 784 | 1023 | 1267 | 1629 | 1877 | 2122 | 2380 | 2622 | 2837 | 3064 | 6084 | 6578 | 7027 | 7404 |
| 77 | 334 | 789 | 1024 | 1269 | 1630 | 1878 | 2123 | 2381 | 2623 | 2838 | 3065 | 6089 | 6579 | 7030 | 7412 |
| 78 | 335 | 797 | 1025 | 1270 | 1631 | 1879 | 2125 | 2382 | 2624 | 2839 | 3066 | 6091 | 6580 | 7031 | 7415 |
| 79 | 336 | 798 | 1026 | 1272 | 1632 | 1880 | 2126 | 2383 | 2625 | 2840 | 3067 | 6093 | 6581 | 7033 | 7416 |
| 80 | 337 | 799 | 1027 | 1274 | 1633 | 1881 | 2128 | 2384 | 2626 | 2841 | 3070 | 6094 | 6582 | 7034 | 7417 |
| 81 | 338 | 800 | 1028 | 1275 | 1634 | 1882 | 2130 | 2385 | 2627 | 2842 | 3071 | 6096 | 6583 | 7035 | 7418 |
| 83 | 339 | 801 | 1029 | 1278 | 1635 | 1883 | 2132 | 2386 | 2628 | 2843 | 3072 | 6099 | 6584 | 7036 | 7419 |
| 86 | 340 | 802 | 1030 | 1279 | 1636 | 1884 | 2136 | 2387 | 2629 | 2844 | 3073 | 6103 | 6585 | 7037 | 7430 |
| 87 | 341 | 803 | 1031 | 1280 | 1638 | 1885 | 2137 | 2388 | 2630 | 2845 | 3074 | 6106 | 6587 | 7038 | 7431 |
| 88 | 342 | 804 | 1032 | 1282 | 1639 | 1886 | 2138 | 2389 | 2631 | 2846 | 3075 | 6107 | 6591 | 7043 | 7433 |
| 89 | 343 | 805 | 1033 | 1288 | 1641 | 1887 | 2141 | 2390 | 2632 | 2847 | 3076 | 6108 | 6594 | 7045 | 7434 |
| 90 | 344 | 806 | 1034 | 1290 | 1642 | 1888 | 2143 | 2391 | 2633 | 2848 | 3077 | 6112 | 6595 | 7046 | 7435 |
| 92 | 345 | 807 | 1035 | 1295 | 1644 | 1889 | 2144 | 2392 | 2634 | 2849 | 3078 | 6115 | 6596 | 7047 | 7436 |

【１３２７】

【表Ｄ１－３】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 94 | 346 | 808 | 1036 | 1298 | 1645 | 1890 | 2145 | 2393 | 2635 | 2850 | 3079 | 6117 | 6598 | 7048 | 7441 |
| 96 | 348 | 809 | 1037 | 1299 | 1646 | 1891 | 2147 | 2394 | 2636 | 2851 | 3080 | 6121 | 6600 | 7051 | 7443 |
| 97 | 349 | 810 | 1038 | 1301 | 1647 | 1892 | 2148 | 2395 | 2637 | 2852 | 3081 | 6123 | 6601 | 7055 | 7444 |
| 98 | 350 | 811 | 1039 | 1302 | 1648 | 1893 | 2149 | 2396 | 2638 | 2853 | 3082 | 6130 | 6602 | 7056 | 7445 |
| 99 | 351 | 812 | 1040 | 1305 | 1649 | 1894 | 2150 | 2397 | 2639 | 2854 | 3083 | 6133 | 6603 | 7058 | 7448 |
| 100 | 352 | 813 | 1041 | 1308 | 1651 | 1895 | 2152 | 2398 | 2640 | 2855 | 3084 | 6136 | 6606 | 7060 | 7449 |
| 101 | 353 | 814 | 1042 | 1311 | 1653 | 1896 | 2153 | 2399 | 2641 | 2856 | 3085 | 6139 | 6607 | 7064 | 7450 |
| 102 | 354 | 815 | 1043 | 1312 | 1656 | 1897 | 2154 | 2400 | 2642 | 2857 | 3086 | 6142 | 6608 | 7065 | 7453 |
| 103 | 355 | 816 | 1044 | 1314 | 1657 | 1898 | 2155 | 2401 | 2643 | 2858 | 3087 | 6144 | 6610 | 7067 | 7455 |
| 104 | 356 | 817 | 1045 | 1315 | 1658 | 1899 | 2156 | 2402 | 2644 | 2859 | 3088 | 6147 | 6611 | 7068 | 7458 |
| 105 | 357 | 818 | 1046 | 1320 | 1659 | 1900 | 2158 | 2403 | 2645 | 2860 | 3089 | 6148 | 6612 | 7070 | 7461 |
| 106 | 359 | 819 | 1047 | 1322 | 1661 | 1901 | 2159 | 2404 | 2646 | 2861 | 3090 | 6150 | 6615 | 7071 | 7466 |
| 107 | 360 | 820 | 1048 | 1324 | 1662 | 1902 | 2161 | 2405 | 2647 | 2862 | 3091 | 6151 | 6616 | 7072 | 7469 |
| 108 | 361 | 821 | 1049 | 1326 | 1663 | 1903 | 2162 | 2406 | 2648 | 2865 | 3092 | 6152 | 6617 | 7074 | 7471 |
| 110 | 362 | 822 | 1050 | 1327 | 1664 | 1905 | 2163 | 2407 | 2649 | 2866 | 3093 | 6155 | 6621 | 7075 | 7472 |
| 112 | 363 | 824 | 1051 | 1328 | 1665 | 1906 | 2164 | 2408 | 2650 | 2867 | 3094 | 6163 | 6622 | 7077 | 7473 |
| 113 | 364 | 825 | 1052 | 1338 | 1666 | 1907 | 2165 | 2409 | 2651 | 2868 | 3096 | 6165 | 6624 | 7078 | 7474 |
| 114 | 365 | 826 | 1053 | 1340 | 1667 | 1908 | 2166 | 2410 | 2652 | 2869 | 3097 | 6168 | 6627 | 7079 | 7476 |
| 115 | 367 | 827 | 1054 | 1342 | 1668 | 1909 | 2167 | 2411 | 2653 | 2870 | 3098 | 6171 | 6630 | 7080 | 7488 |
| 116 | 368 | 828 | 1055 | 1347 | 1669 | 1910 | 2170 | 2413 | 2654 | 2871 | 3099 | 6172 | 6635 | 7081 | 7489 |
| 117 | 369 | 829 | 1056 | 1348 | 1670 | 1911 | 2172 | 2414 | 2656 | 2872 | 3101 | 6176 | 6639 | 7082 | 7496 |
| 118 | 370 | 830 | 1057 | 1349 | 1671 | 1912 | 2173 | 2417 | 2657 | 2873 | 3102 | 6180 | 6642 | 7085 | 7497 |
| 119 | 371 | 831 | 1058 | 1350 | 1672 | 1913 | 2174 | 2418 | 2658 | 2874 | 3103 | 6185 | 6644 | 7087 | 7499 |
| 120 | 372 | 832 | 1059 | 1354 | 1673 | 1914 | 2175 | 2422 | 2659 | 2875 | 3104 | 6188 | 6645 | 7088 | 7500 |
| 121 | 373 | 833 | 1060 | 1359 | 1674 | 1915 | 2176 | 2423 | 2660 | 2877 | 3107 | 6190 | 6646 | 7089 | 7501 |
| 122 | 374 | 834 | 1061 | 1366 | 1675 | 1916 | 2177 | 2425 | 2661 | 2878 | 3108 | 6191 | 6648 | 7091 | 7508 |
| 123 | 376 | 835 | 1062 | 1369 | 1676 | 1917 | 2178 | 2426 | 2662 | 2879 | 3109 | 6193 | 6650 | 7096 | 7509 |
| 124 | 377 | 836 | 1063 | 1370 | 1677 | 1918 | 2179 | 2431 | 2663 | 2881 | 3110 | 6196 | 6651 | 7098 | 7511 |
| 125 | 378 | 837 | 1065 | 1371 | 1678 | 1920 | 2182 | 2436 | 2664 | 2882 | 3111 | 6197 | 6652 | 7100 | 7515 |
| 126 | 380 | 839 | 1066 | 1372 | 1679 | 1921 | 2184 | 2438 | 2665 | 2884 | 3112 | 6201 | 6654 | 7103 | 7519 |
| 127 | 382 | 840 | 1067 | 1373 | 1680 | 1922 | 2185 | 2440 | 2666 | 2885 | 3113 | 6204 | 6655 | 7105 | 7520 |
| 128 | 384 | 841 | 1068 | 1374 | 1681 | 1923 | 2186 | 2441 | 2667 | 2886 | 3114 | 6205 | 6656 | 7110 | 7523 |
| 129 | 385 | 842 | 1069 | 1375 | 1682 | 1924 | 2191 | 2442 | 2668 | 2887 | 3115 | 6207 | 6659 | 7115 | 7525 |
| 130 | 386 | 843 | 1070 | 1376 | 1683 | 1925 | 2192 | 2443 | 2669 | 2888 | 3116 | 6208 | 6665 | 7116 | 7526 |
| 131 | 388 | 844 | 1071 | 1377 | 1684 | 1926 | 2193 | 2444 | 2670 | 2889 | 3117 | 6211 | 6666 | 7120 | 7527 |
| 132 | 389 | 845 | 1072 | 1378 | 1685 | 1927 | 2195 | 2445 | 2671 | 2890 | 3118 | 6216 | 6668 | 7121 | 7530 |
| 133 | 391 | 846 | 1073 | 1379 | 1686 | 1929 | 2196 | 2446 | 2672 | 2891 | 3119 | 6218 | 6671 | 7122 | 7531 |
| 134 | 392 | 847 | 1074 | 1380 | 1687 | 1931 | 2197 | 2447 | 2673 | 2892 | 3120 | 6219 | 6672 | 7123 | 7536 |
| 135 | 394 | 849 | 1075 | 1381 | 1688 | 1932 | 2198 | 2448 | 2674 | 2893 | 3121 | 6223 | 6674 | 7125 | 7537 |
| 136 | 395 | 852 | 1076 | 1382 | 1689 | 1934 | 2201 | 2449 | 2675 | 2894 | 3122 | 6227 | 6675 | 7127 | 7538 |
| 137 | 396 | 853 | 1077 | 1383 | 1690 | 1935 | 2202 | 2450 | 2676 | 2895 | 3123 | 6234 | 6676 | 7128 | 7539 |

【１３２８】

【表Ｄ１－４】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 138 | 397 | 854 | 1078 | 1384 | 1691 | 1936 | 2205 | 2451 | 2677 | 2896 | 3124 | 6236 | 6680 | 7129 | 7540 |
| 139 | 398 | 856 | 1079 | 1385 | 1693 | 1937 | 2206 | 2452 | 2679 | 2897 | 3125 | 6240 | 6681 | 7131 | 7541 |
| 140 | 399 | 860 | 1080 | 1386 | 1694 | 1938 | 2207 | 2453 | 2680 | 2898 | 3126 | 6243 | 6683 | 7135 | 7543 |
| 141 | 400 | 861 | 1081 | 1387 | 1695 | 1939 | 2213 | 2454 | 2681 | 2900 | 3127 | 6244 | 6684 | 7136 | 7545 |
| 142 | 402 | 862 | 1082 | 1388 | 1696 | 1940 | 2214 | 2455 | 2682 | 2901 | 3128 | 6247 | 6685 | 7138 | 7547 |
| 143 | 403 | 863 | 1083 | 1389 | 1697 | 1941 | 2219 | 2456 | 2683 | 2902 | 3129 | 6248 | 6686 | 7140 | 7549 |
| 144 | 404 | 866 | 1084 | 1390 | 1698 | 1942 | 2224 | 2457 | 2684 | 2903 | 3130 | 6250 | 6688 | 7141 | 7550 |
| 145 | 407 | 867 | 1085 | 1391 | 1699 | 1943 | 2225 | 2458 | 2685 | 2904 | 3131 | 6253 | 6690 | 7142 | 7555 |
| 146 | 408 | 868 | 1086 | 1392 | 1700 | 1944 | 2226 | 2459 | 2687 | 2905 | 3133 | 6254 | 6692 | 7143 | 7556 |
| 147 | 409 | 871 | 1087 | 1393 | 1701 | 1945 | 2227 | 2460 | 2688 | 2906 | 3134 | 6257 | 6693 | 7144 | 7558 |
| 148 | 413 | 872 | 1088 | 1394 | 1702 | 1946 | 2228 | 2461 | 2689 | 2907 | 3135 | 6258 | 6695 | 7147 | 7565 |
| 149 | 415 | 873 | 1089 | 1395 | 1703 | 1947 | 2229 | 2462 | 2690 | 2908 | 3136 | 6263 | 6698 | 7148 | 7566 |
| 150 | 416 | 874 | 1090 | 1396 | 1704 | 1948 | 2230 | 2463 | 2692 | 2909 | 3138 | 6264 | 6705 | 7150 | 7567 |
| 151 | 423 | 875 | 1091 | 1397 | 1705 | 1949 | 2231 | 2464 | 2693 | 2910 | 3139 | 6265 | 6706 | 7151 | 7568 |
| 153 | 426 | 876 | 1092 | 1398 | 1706 | 1950 | 2232 | 2465 | 2695 | 2911 | 3144 | 6266 | 6708 | 7153 | 7569 |
| 154 | 428 | 877 | 1093 | 1399 | 1707 | 1951 | 2233 | 2468 | 2696 | 2912 | 3146 | 6267 | 6709 | 7154 | 7570 |
| 156 | 438 | 878 | 1094 | 1400 | 1708 | 1952 | 2234 | 2469 | 2697 | 2913 | 3149 | 6268 | 6710 | 7157 | 7574 |
| 157 | 449 | 879 | 1095 | 1401 | 1709 | 1953 | 2235 | 2470 | 2700 | 2914 | 3152 | 6269 | 6713 | 7158 | 7576 |
| 158 | 450 | 880 | 1097 | 1402 | 1710 | 1954 | 2236 | 2471 | 2701 | 2915 | 3154 | 6271 | 6715 | 7160 | 7578 |
| 159 | 452 | 881 | 1103 | 1403 | 1711 | 1955 | 2238 | 2472 | 2702 | 2916 | 3155 | 6272 | 6716 | 7163 | 7580 |
| 160 | 460 | 882 | 1115 | 1404 | 1712 | 1956 | 2239 | 2474 | 2703 | 2917 | 3157 | 6273 | 6717 | 7164 | 7582 |
| 161 | 461 | 883 | 1116 | 1405 | 1713 | 1957 | 2240 | 2477 | 2706 | 2918 | 3167 | 6275 | 6718 | 7167 | 7585 |
| 162 | 462 | 884 | 1117 | 1406 | 1714 | 1958 | 2241 | 2478 | 2708 | 2919 | 3169 | 6278 | 6719 | 7169 | 7587 |
| 164 | 464 | 885 | 1118 | 1407 | 1715 | 1959 | 2242 | 2480 | 2709 | 2920 | 3171 | 6281 | 6724 | 7170 | 7588 |
| 165 | 469 | 886 | 1120 | 1408 | 1716 | 1960 | 2244 | 2488 | 2710 | 2921 | 3172 | 6284 | 6726 | 7171 | 7589 |
| 166 | 470 | 887 | 1121 | 1409 | 1717 | 1961 | 2245 | 2489 | 2711 | 2922 | 3173 | 6285 | 6728 | 7172 | 7590 |
| 167 | 472 | 888 | 1123 | 1410 | 1718 | 1962 | 2246 | 2490 | 2712 | 2923 | 3176 | 6286 | 6730 | 7174 | 7591 |
| 168 | 480 | 889 | 1126 | 1411 | 1719 | 1963 | 2247 | 2497 | 2713 | 2925 | 3177 | 6287 | 6731 | 7175 | 7593 |
| 169 | 481 | 890 | 1131 | 1412 | 1720 | 1964 | 2248 | 2498 | 2714 | 2926 | 3180 | 6289 | 6732 | 7176 | 7594 |
| 170 | 483 | 891 | 1136 | 1413 | 1721 | 1965 | 2249 | 2503 | 2715 | 2927 | 3181 | 6290 | 6733 | 7180 | 7597 |
| 171 | 484 | 892 | 1137 | 1414 | 1722 | 1966 | 2250 | 2504 | 2716 | 2928 | 3184 | 6292 | 6736 | 7181 | 7599 |
| 172 | 502 | 893 | 1138 | 1415 | 1723 | 1967 | 2251 | 2505 | 2717 | 2929 | 3190 | 6293 | 6738 | 7184 | 7600 |
| 173 | 503 | 894 | 1139 | 1416 | 1725 | 1968 | 2252 | 2506 | 2718 | 2930 | 3196 | 6294 | 6744 | 7186 | 7606 |
| 175 | 504 | 895 | 1140 | 1417 | 1726 | 1969 | 2253 | 2507 | 2719 | 2931 | 3198 | 6300 | 6746 | 7187 | 7607 |
| 176 | 523 | 896 | 1141 | 1418 | 1729 | 1970 | 2254 | 2508 | 2720 | 2932 | 3199 | 6304 | 6751 | 7188 | 7610 |
| 180 | 524 | 897 | 1142 | 1419 | 1735 | 1971 | 2255 | 2509 | 2721 | 2933 | 3208 | 6305 | 6754 | 7189 | 7612 |
| 181 | 527 | 898 | 1143 | 1420 | 1736 | 1972 | 2256 | 2510 | 2722 | 2934 | 3214 | 6307 | 6756 | 7191 | 7613 |
| 183 | 534 | 899 | 1144 | 1421 | 1738 | 1973 | 2257 | 2511 | 2723 | 2935 | 3233 | 6309 | 6757 | 7192 | 7615 |
| 184 | 535 | 900 | 1145 | 1422 | 1739 | 1974 | 2259 | 2512 | 2724 | 2936 | 3247 | 6310 | 6758 | 7193 | 7617 |
| 185 | 537 | 901 | 1146 | 1423 | 1741 | 1975 | 2260 | 2513 | 2725 | 2937 | 3248 | 6311 | 6760 | 7194 | 7621 |
| 190 | 538 | 902 | 1147 | 1424 | 1742 | 1976 | 2261 | 2514 | 2726 | 2938 | 3251 | 6312 | 6761 | 7197 | 7625 |

【１３２９】

【表Ｄ１－５】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 191 | 539 | 903 | 1148 | 1425 | 1743 | 1977 | 2262 | 2515 | 2727 | 2939 | 3252 | 6313 | 6762 | 7198 | 7629 |
| 192 | 540 | 904 | 1149 | 1426 | 1747 | 1978 | 2263 | 2516 | 2728 | 2940 | 3253 | 6317 | 6765 | 7203 | 7632 |
| 194 | 541 | 905 | 1150 | 1427 | 1751 | 1979 | 2264 | 2517 | 2729 | 2941 | 3254 | 6318 | 6770 | 7204 | 7633 |
| 195 | 543 | 906 | 1151 | 1429 | 1752 | 1980 | 2265 | 2518 | 2730 | 2942 | 3256 | 6322 | 6772 | 7205 | 7634 |
| 196 | 544 | 907 | 1152 | 1430 | 1753 | 1981 | 2266 | 2519 | 2731 | 2943 | 3259 | 6323 | 6773 | 7206 | 7635 |
| 198 | 545 | 908 | 1153 | 1431 | 1754 | 1982 | 2268 | 2520 | 2732 | 2945 | 3260 | 6324 | 6776 | 7207 | 7636 |
| 199 | 547 | 909 | 1154 | 1432 | 1755 | 1983 | 2270 | 2521 | 2733 | 2947 | 3261 | 6325 | 6777 | 7209 | 7638 |
| 200 | 550 | 910 | 1155 | 1433 | 1756 | 1984 | 2271 | 2522 | 2734 | 2948 | 3262 | 6327 | 6778 | 7214 | 7644 |
| 201 | 553 | 911 | 1156 | 1434 | 1757 | 1985 | 2273 | 2523 | 2735 | 2950 | 3263 | 6328 | 6783 | 7215 | 7646 |
| 203 | 554 | 912 | 1157 | 1435 | 1758 | 1986 | 2275 | 2524 | 2736 | 2951 | 3264 | 6329 | 6784 | 7216 | 7649 |
| 205 | 555 | 913 | 1158 | 1436 | 1759 | 1987 | 2276 | 2525 | 2737 | 2953 | 3266 | 6339 | 6785 | 7217 | 7650 |
| 206 | 557 | 914 | 1159 | 1439 | 1760 | 1988 | 2277 | 2526 | 2738 | 2954 | 3268 | 6340 | 6786 | 7218 | 7651 |
| 207 | 559 | 915 | 1160 | 1440 | 1761 | 1989 | 2278 | 2527 | 2739 | 2955 | 3269 | 6343 | 6788 | 7222 | 7652 |
| 208 | 561 | 916 | 1161 | 1441 | 1762 | 1990 | 2279 | 2528 | 2740 | 2957 | 3270 | 6344 | 6793 | 7226 | 7653 |
| 209 | 563 | 917 | 1163 | 1442 | 1764 | 1991 | 2280 | 2529 | 2741 | 2959 | 3272 | 6346 | 6794 | 7227 | 7654 |
| 210 | 565 | 918 | 1164 | 1444 | 1765 | 1992 | 2282 | 2530 | 2742 | 2960 | 3277 | 6349 | 6795 | 7228 | 7656 |
| 211 | 567 | 919 | 1165 | 1446 | 1766 | 1993 | 2286 | 2531 | 2743 | 2962 | 3286 | 6351 | 6796 | 7240 | 7657 |
| 212 | 568 | 920 | 1166 | 1447 | 1767 | 1994 | 2287 | 2532 | 2744 | 2965 | 3302 | 6356 | 6797 | 7242 | 7658 |
| 213 | 570 | 921 | 1167 | 1449 | 1768 | 1995 | 2288 | 2533 | 2745 | 2966 | 3303 | 6363 | 6798 | 7243 | 7659 |
| 215 | 571 | 922 | 1168 | 1452 | 1769 | 1996 | 2291 | 2534 | 2746 | 2967 | 3305 | 6364 | 6801 | 7244 | 7660 |
| 216 | 572 | 923 | 1169 | 1455 | 1770 | 1997 | 2292 | 2535 | 2747 | 2970 | 3310 | 6367 | 6802 | 7246 | 7662 |
| 217 | 575 | 924 | 1170 | 1456 | 1771 | 1998 | 2294 | 2536 | 2748 | 2971 | 3313 | 6370 | 6808 | 7247 | 7663 |
| 218 | 583 | 925 | 1171 | 1460 | 1772 | 1999 | 2295 | 2537 | 2749 | 2972 | 3315 | 6377 | 6809 | 7250 | 7665 |
| 219 | 584 | 926 | 1172 | 1471 | 1773 | 2000 | 2299 | 2538 | 2750 | 2973 | 3316 | 6378 | 6811 | 7251 | 7667 |
| 223 | 585 | 927 | 1173 | 1497 | 1774 | 2001 | 2300 | 2539 | 2751 | 2974 | 3326 | 6381 | 6815 | 7252 | 7668 |
| 225 | 589 | 928 | 1174 | 1499 | 1775 | 2002 | 2301 | 2540 | 2752 | 2975 | 3329 | 6384 | 6816 | 7253 | 7670 |
| 227 | 590 | 929 | 1176 | 1504 | 1776 | 2003 | 2302 | 2541 | 2755 | 2976 | 4501 | 6387 | 6823 | 7255 | 7674 |
| 228 | 591 | 931 | 1177 | 1505 | 1777 | 2004 | 2303 | 2542 | 2756 | 2977 | 4502 | 6389 | 6826 | 7258 | 7675 |
| 229 | 592 | 933 | 1178 | 1506 | 1778 | 2005 | 2304 | 2543 | 2757 | 2979 | 4503 | 6394 | 6827 | 7261 | 7676 |
| 230 | 594 | 934 | 1179 | 1507 | 1779 | 2006 | 2305 | 2544 | 2758 | 2980 | 4505 | 6395 | 6832 | 7262 | 7677 |
| 232 | 595 | 936 | 1181 | 1508 | 1780 | 2007 | 2306 | 2545 | 2760 | 2981 | 4506 | 6402 | 6834 | 7263 | 7679 |
| 234 | 596 | 937 | 1184 | 1519 | 1781 | 2008 | 2307 | 2546 | 2761 | 2982 | 4507 | 6403 | 6841 | 7264 | 7681 |
| 235 | 597 | 938 | 1185 | 1521 | 1783 | 2009 | 2308 | 2547 | 2762 | 2983 | 4508 | 6407 | 6842 | 7267 | 7682 |
| 236 | 598 | 939 | 1186 | 1523 | 1784 | 2011 | 2309 | 2548 | 2764 | 2984 | 4509 | 6409 | 6845 | 7273 | 7685 |
| 237 | 599 | 944 | 1187 | 1527 | 1785 | 2012 | 2310 | 2549 | 2765 | 2985 | 4510 | 6410 | 6850 | 7274 | 7694 |
| 238 | 600 | 945 | 1190 | 1529 | 1786 | 2013 | 2311 | 2550 | 2766 | 2986 | 4511 | 6412 | 6852 | 7275 | 7695 |
| 239 | 602 | 946 | 1193 | 1539 | 1787 | 2014 | 2312 | 2551 | 2767 | 2987 | 4512 | 6415 | 6855 | 7276 | 7698 |
| 240 | 604 | 948 | 1197 | 1540 | 1788 | 2015 | 2313 | 2552 | 2768 | 2988 | 4513 | 6417 | 6859 | 7280 | 7702 |
| 241 | 605 | 950 | 1198 | 1541 | 1789 | 2017 | 2314 | 2553 | 2769 | 2989 | 4514 | 6418 | 6861 | 7281 | 7706 |
| 242 | 606 | 951 | 1199 | 1542 | 1790 | 2018 | 2315 | 2554 | 2772 | 2990 | 4515 | 6419 | 6864 | 7282 | 7707 |
| 243 | 607 | 952 | 1200 | 1543 | 1792 | 2019 | 2316 | 2555 | 2773 | 2991 | 4516 | 6421 | 6866 | 7284 | 7714 |

【１３３０】

【表Ｄ１－６】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 244 | 610 | 957 | 1201 | 1544 | 1793 | 2020 | 2317 | 2556 | 2774 | 2992 | 4517 | 6423 | 6870 | 7286 | 7717 |
| 245 | 613 | 958 | 1202 | 1545 | 1794 | 2021 | 2318 | 2557 | 2775 | 2993 | 4518 | 6424 | 6872 | 7288 | 7719 |
| 248 | 614 | 959 | 1203 | 1546 | 1795 | 2022 | 2319 | 2558 | 2776 | 2994 | 4519 | 6425 | 6873 | 7290 | 7723 |
| 249 | 616 | 960 | 1204 | 1547 | 1796 | 2023 | 2320 | 2559 | 2777 | 2995 | 4520 | 6426 | 6874 | 7291 | 7724 |
| 252 | 617 | 961 | 1205 | 1548 | 1799 | 2024 | 2321 | 2560 | 2778 | 2997 | 4521 | 6427 | 6876 | 7292 | 7728 |
| 253 | 618 | 962 | 1206 | 1549 | 1801 | 2025 | 2322 | 2561 | 2779 | 2998 | 4522 | 6429 | 6877 | 7293 | |
| 254 | 624 | 963 | 1207 | 1550 | 1802 | 2027 | 2323 | 2562 | 2780 | 2999 | 4523 | 6432 | 6878 | 7294 | |

【１３３１】

更なる分析は、条件１、２、及び３の全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約３２０の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、スクリーニングアッセイの全ての分析される条件において編集活性を有していたことを示す（図１４、マゼンタ色のドット）。これらは、以下の表Ｄ２に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３３２】

【表Ｄ２－１】

表D2. 条件1、2、及び3の全てにわたって少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 874 | 1377 | 1945 | 2370 | 2711 | 3014 |
| 35 | 878 | 1380 | 1953 | 2371 | 2712 | 3015 |
| 36 | 882 | 1381 | 1961 | 2449 | 2713 | 3018 |
| 37 | 883 | 1382 | 1970 | 2503 | 2714 | 3026 |
| 38 | 884 | 1383 | 1976 | 2504 | 2715 | 3035 |
| 39 | 890 | 1384 | 1992 | 2505 | 2718 | 3039 |
| 40 | 900 | 1385 | 2048 | 2506 | 2721 | 3042 |
| 41 | 901 | 1389 | 2086 | 2507 | 2726 | 3053 |
| 49 | 912 | 1390 | 2091 | 2508 | 2734 | 3059 |
| 62 | 958 | 1394 | 2093 | 2510 | 2780 | 3067 |
| 97 | 960 | 1397 | 2115 | 2511 | 2781 | 3076 |
| 113 | 963 | 1400 | 2144 | 2512 | 2782 | 3079 |
| 117 | 964 | 1401 | 2158 | 2513 | 2783 | 3084 |
| 121 | 966 | 1404 | 2192 | 2514 | 2784 | 3091 |
| 139 | 987 | 1405 | 2225 | 2515 | 2787 | 3093 |
| 140 | 1006 | 1406 | 2227 | 2518 | 2788 | 3094 |
| 141 | 1007 | 1410 | 2231 | 2519 | 2789 | 3096 |
| 142 | 1008 | 1540 | 2299 | 2521 | 2790 | 3108 |
| 190 | 1012 | 1543 | 2300 | 2525 | 2792 | 3111 |
| 191 | 1015 | 1550 | 2301 | 2526 | 2794 | 3112 |
| 192 | 1016 | 1616 | 2302 | 2527 | 2795 | 3116 |
| 195 | 1017 | 1618 | 2303 | 2528 | 2797 | 3120 |

【１３３３】

【表Ｄ２－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 199 | 1018 | 1619 | 2304 | 2530 | 2798 | 3125 |
| 212 | 1019 | 1666 | 2305 | 2534 | 2800 | 3126 |
| 213 | 1020 | 1668 | 2308 | 2536 | 2801 | 3130 |
| 228 | 1022 | 1672 | 2309 | 2542 | 2802 | |
| 232 | 1023 | 1677 | 2311 | 2544 | 2804 | |
| 239 | 1025 | 1679 | 2312 | 2548 | 2813 | |
| 268 | 1038 | 1682 | 2314 | 2559 | 2817 | |
| 303 | 1049 | 1686 | 2315 | 2568 | 2818 | |
| 313 | 1059 | 1754 | 2316 | 2610 | 2826 | |
| 316 | 1137 | 1759 | 2317 | 2611 | 2835 | |
| 318 | 1168 | 1770 | 2319 | 2612 | 2865 | |
| 332 | 1171 | 1856 | 2322 | 2614 | 2874 | |
| 341 | 1197 | 1857 | 2323 | 2615 | 2877 | |
| 363 | 1198 | 1861 | 2325 | 2618 | 2886 | |
| 396 | 1202 | 1863 | 2326 | 2619 | 2888 | |
| 480 | 1203 | 1864 | 2327 | 2622 | 2890 | |
| 550 | 1216 | 1865 | 2328 | 2623 | 2895 | |
| 590 | 1219 | 1868 | 2329 | 2624 | 2901 | |
| 647 | 1225 | 1870 | 2331 | 2627 | 2904 | |
| 715 | 1235 | 1877 | 2335 | 2629 | 2920 | |
| 800 | 1242 | 1883 | 2338 | 2632 | 2932 | |
| 801 | 1371 | 1889 | 2342 | 2633 | 2937 | |
| 804 | 1372 | 1937 | 2346 | 2636 | 2943 | |
| 806 | 1373 | 1938 | 2353 | 2638 | 2950 | |
| 871 | 1374 | 1940 | 2363 | 2644 | 2966 | |
| 872 | 1375 | 1942 | 2364 | 2648 | 2972 | |
| 873 | 1376 | 1943 | 2365 | 2653 | 2982 | |

【１３３４】

更なる配列決定データを、ゲノム編集活性の証拠における検出感度及び信頼性を向上させるために、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ１０条件（条件３）についての同じＤＮＡライブラリーのために生成した。条件３についての修正されたデータセットを含むこの更なる分析は、条件１、２、及び３の全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約４２０の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの全ての条件において編集活性を有していたことを示す。これらは、以下の表Ｄ３に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３３５】

【表Ｄ３－１】

表D3. 条件1、2、又は3の全てにわたって少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 961 | 1616 | 2301 | 2568 | 2822 | 4522 |
| 35 | 963 | 1618 | 2302 | 2578 | 2826 | 4532 |
| 36 | 964 | 1619 | 2303 | 2585 | 2833 | 6312 |
| 37 | 966 | 1666 | 2304 | 2592 | 2835 | 6505 |
| 38 | 967 | 1672 | 2305 | 2610 | 2838 | 6761 |
| 39 | 978 | 1679 | 2308 | 2611 | 2840 | 6925 |
| 48 | 1006 | 1682 | 2309 | 2612 | 2865 | 7036 |
| 49 | 1007 | 1686 | 2311 | 2614 | 2871 | 7067 |
| 62 | 1008 | 1690 | 2312 | 2615 | 2874 | 7397 |
| 97 | 1012 | 1691 | 2314 | 2618 | 2877 | |
| 113 | 1015 | 1695 | 2315 | 2619 | 2878 | |
| 121 | 1016 | 1698 | 2316 | 2622 | 2886 | |
| 123 | 1017 | 1721 | 2317 | 2623 | 2887 | |
| 139 | 1018 | 1754 | 2319 | 2624 | 2888 | |
| 140 | 1019 | 1759 | 2322 | 2627 | 2890 | |
| 142 | 1020 | 1769 | 2323 | 2629 | 2895 | |
| 144 | 1022 | 1770 | 2325 | 2632 | 2901 | |
| 147 | 1023 | 1772 | 2326 | 2633 | 2904 | |
| 190 | 1025 | 1773 | 2327 | 2636 | 2905 | |
| 191 | 1029 | 1856 | 2328 | 2638 | 2909 | |
| 192 | 1038 | 1857 | 2329 | 2639 | 2920 | |
| 195 | 1043 | 1861 | 2331 | 2644 | 2922 | |
| 213 | 1049 | 1863 | 2335 | 2647 | 2928 | |
| 219 | 1052 | 1864 | 2338 | 2648 | 2932 | |
| 232 | 1059 | 1865 | 2342 | 2649 | 2937 | |
| 239 | 1061 | 1868 | 2347 | 2653 | 2943 | |
| 252 | 1115 | 1870 | 2353 | 2654 | 2948 | |
| 258 | 1137 | 1874 | 2363 | 2666 | 2950 | |
| 268 | 1168 | 1877 | 2364 | 2667 | 2966 | |
| 303 | 1171 | 1881 | 2365 | 2675 | 2967 | |
| 316 | 1197 | 1883 | 2370 | 2676 | 2972 | |
| 318 | 1198 | 1889 | 2371 | 2681 | 2976 | |
| 320 | 1202 | 1899 | 2382 | 2711 | 2982 | |
| 332 | 1203 | 1937 | 2395 | 2712 | 2991 | |
| 363 | 1210 | 1938 | 2403 | 2713 | 3014 | |
| 384 | 1216 | 1939 | 2449 | 2714 | 3015 | |
| 386 | 1219 | 1940 | 2503 | 2715 | 3018 | |
| 392 | 1225 | 1942 | 2504 | 2716 | 3026 | |
| 396 | 1235 | 1943 | 2505 | 2718 | 3035 | |
| 480 | 1242 | 1945 | 2506 | 2721 | 3039 | |

【１３３６】

【表Ｄ３－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 550 | 1371 | 1953 | 2507 | 2723 | 3042 | |
| 590 | 1373 | 1961 | 2508 | 2726 | 3052 | |
| 647 | 1374 | 1968 | 2510 | 2731 | 3053 | |
| 715 | 1375 | 1970 | 2511 | 2734 | 3059 | |
| 800 | 1376 | 1976 | 2512 | 2744 | 3067 | |
| 801 | 1377 | 1978 | 2513 | 2745 | 3076 | |
| 804 | 1380 | 1991 | 2514 | 2780 | 3079 | |
| 805 | 1381 | 1992 | 2515 | 2781 | 3084 | |
| 806 | 1382 | 2048 | 2518 | 2782 | 3087 | |
| 818 | 1383 | 2086 | 2519 | 2783 | 3091 | |
| 819 | 1384 | 2091 | 2521 | 2784 | 3093 | |
| 871 | 1385 | 2092 | 2525 | 2787 | 3094 | |
| 872 | 1389 | 2093 | 2526 | 2788 | 3096 | |
| 873 | 1390 | 2115 | 2527 | 2789 | 3108 | |
| 874 | 1394 | 2137 | 2528 | 2790 | 3111 | |
| 876 | 1397 | 2144 | 2530 | 2791 | 3112 | |
| 878 | 1399 | 2148 | 2531 | 2792 | 3116 | |
| 880 | 1400 | 2158 | 2534 | 2794 | 3120 | |
| 883 | 1401 | 2172 | 2536 | 2795 | 3121 | |
| 884 | 1402 | 2174 | 2542 | 2797 | 3124 | |
| 890 | 1405 | 2192 | 2544 | 2798 | 3125 | |
| 898 | 1406 | 2225 | 2547 | 2800 | 3126 | |
| 900 | 1410 | 2226 | 2548 | 2801 | 3130 | |
| 901 | 1415 | 2227 | 2551 | 2802 | 3136 | |
| 912 | 1419 | 2231 | 2556 | 2804 | 4505 | |
| 915 | 1422 | 2235 | 2559 | 2808 | 4508 | |
| 929 | 1424 | 2236 | 2561 | 2813 | 4514 | |
| 958 | 1543 | 2299 | 2562 | 2817 | 4519 | |
| 960 | 1550 | 2300 | 2566 | 2818 | 4521 | |

【１３３７】

ライブラリー内の約３６８０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、この更なる分析を用いて、条件１、２、又は３のいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの少なくとも１つの分析される条件において編集活性を有していたことを示す。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ４に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３３８】

【表Ｄ４－１】

表D4. 上記の更なる分析に従って条件1、2、又は3のいずれか1つにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 |
|---|

【１３３９】

【表Ｄ４－２】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 343 | 846 | 1197 | 1624 | 1955 | 2294 | 2616 | 2929 | 4523 | 6495 | 7046 | 7570 |
| 2 | 344 | 847 | 1198 | 1625 | 1956 | 2295 | 2617 | 2930 | 4524 | 6497 | 7047 | 7574 |
| 3 | 345 | 848 | 1199 | 1626 | 1957 | 2299 | 2618 | 2931 | 4525 | 6499 | 7049 | 7575 |
| 4 | 346 | 849 | 1200 | 1627 | 1958 | 2300 | 2619 | 2932 | 4526 | 6501 | 7050 | 7576 |
| 5 | 348 | 850 | 1201 | 1628 | 1959 | 2301 | 2620 | 2933 | 4527 | 6502 | 7051 | 7580 |
| 6 | 349 | 852 | 1202 | 1629 | 1960 | 2302 | 2621 | 2934 | 4528 | 6503 | 7052 | 7582 |
| 7 | 350 | 853 | 1203 | 1630 | 1961 | 2303 | 2622 | 2935 | 4529 | 6505 | 7053 | 7585 |
| 9 | 351 | 854 | 1204 | 1631 | 1962 | 2304 | 2623 | 2936 | 4530 | 6506 | 7055 | 7587 |
| 10 | 352 | 855 | 1205 | 1632 | 1963 | 2305 | 2624 | 2937 | 4531 | 6511 | 7056 | 7588 |
| 12 | 353 | 856 | 1206 | 1633 | 1964 | 2306 | 2625 | 2938 | 4532 | 6512 | 7058 | 7590 |
| 13 | 354 | 857 | 1207 | 1634 | 1965 | 2307 | 2626 | 2939 | 4533 | 6515 | 7059 | 7591 |
| 14 | 355 | 860 | 1208 | 1635 | 1966 | 2308 | 2627 | 2940 | 4534 | 6524 | 7060 | 7592 |
| 17 | 356 | 861 | 1209 | 1636 | 1967 | 2309 | 2628 | 2941 | 4535 | 6525 | 7062 | 7595 |
| 18 | 357 | 862 | 1210 | 1637 | 1968 | 2310 | 2629 | 2942 | 4536 | 6526 | 7063 | 7596 |
| 19 | 358 | 863 | 1211 | 1638 | 1969 | 2311 | 2630 | 2943 | 4537 | 6527 | 7064 | 7597 |
| 22 | 359 | 866 | 1212 | 1639 | 1970 | 2312 | 2631 | 2944 | 4538 | 6529 | 7065 | 7599 |
| 24 | 360 | 867 | 1213 | 1640 | 1971 | 2313 | 2632 | 2945 | 4539 | 6530 | 7067 | 7600 |
| 28 | 361 | 868 | 1214 | 1641 | 1972 | 2314 | 2633 | 2946 | 4540 | 6531 | 7068 | 7603 |
| 33 | 362 | 869 | 1215 | 1642 | 1973 | 2315 | 2634 | 2947 | 4541 | 6532 | 7070 | 7606 |
| 34 | 363 | 870 | 1216 | 1644 | 1974 | 2316 | 2635 | 2948 | 6001 | 6533 | 7072 | 7607 |
| 35 | 364 | 871 | 1217 | 1645 | 1975 | 2317 | 2636 | 2950 | 6004 | 6535 | 7073 | 7610 |
| 36 | 365 | 872 | 1218 | 1646 | 1976 | 2318 | 2637 | 2951 | 6007 | 6538 | 7074 | 7612 |
| 37 | 366 | 873 | 1219 | 1648 | 1977 | 2319 | 2638 | 2952 | 6008 | 6540 | 7075 | 7613 |
| 38 | 367 | 874 | 1220 | 1649 | 1978 | 2320 | 2639 | 2953 | 6010 | 6542 | 7078 | 7615 |
| 39 | 368 | 875 | 1221 | 1651 | 1979 | 2321 | 2640 | 2954 | 6012 | 6543 | 7079 | 7620 |
| 40 | 369 | 876 | 1222 | 1652 | 1980 | 2322 | 2641 | 2955 | 6013 | 6544 | 7080 | 7621 |
| 41 | 370 | 877 | 1223 | 1653 | 1981 | 2323 | 2642 | 2957 | 6014 | 6545 | 7081 | 7624 |
| 42 | 371 | 878 | 1224 | 1654 | 1982 | 2324 | 2643 | 2958 | 6015 | 6549 | 7082 | 7625 |
| 43 | 372 | 879 | 1225 | 1655 | 1983 | 2325 | 2644 | 2959 | 6021 | 6551 | 7084 | 7626 |
| 44 | 373 | 880 | 1226 | 1656 | 1984 | 2326 | 2645 | 2960 | 6022 | 6552 | 7085 | 7629 |
| 45 | 374 | 881 | 1227 | 1657 | 1985 | 2327 | 2646 | 2962 | 6023 | 6555 | 7087 | 7631 |
| 46 | 375 | 882 | 1228 | 1658 | 1986 | 2328 | 2647 | 2965 | 6025 | 6557 | 7088 | 7632 |
| 47 | 376 | 883 | 1229 | 1659 | 1987 | 2329 | 2648 | 2966 | 6026 | 6559 | 7089 | 7633 |
| 48 | 377 | 884 | 1230 | 1660 | 1988 | 2330 | 2649 | 2967 | 6028 | 6561 | 7091 | 7634 |
| 49 | 380 | 885 | 1231 | 1661 | 1989 | 2331 | 2650 | 2968 | 6029 | 6563 | 7092 | 7635 |
| 50 | 382 | 886 | 1232 | 1662 | 1990 | 2332 | 2651 | 2969 | 6030 | 6564 | 7095 | 7636 |
| 51 | 383 | 887 | 1233 | 1663 | 1991 | 2333 | 2652 | 2971 | 6031 | 6565 | 7096 | 7638 |
| 52 | 384 | 888 | 1234 | 1664 | 1992 | 2334 | 2653 | 2972 | 6036 | 6566 | 7098 | 7643 |
| 53 | 385 | 889 | 1235 | 1665 | 1993 | 2335 | 2654 | 2973 | 6038 | 6567 | 7100 | 7644 |
| 54 | 386 | 890 | 1236 | 1666 | 1994 | 2336 | 2655 | 2974 | 6040 | 6568 | 7103 | 7646 |
| 55 | 387 | 891 | 1237 | 1667 | 1995 | 2337 | 2656 | 2975 | 6041 | 6572 | 7104 | 7649 |

【１３４０】

【表Ｄ４－３】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 56 | 388 | 892 | 1238 | 1668 | 1996 | 2338 | 2657 | 2976 | 6043 | 6575 | 7105 | 7650 |
| 57 | 389 | 893 | 1239 | 1669 | 1997 | 2339 | 2658 | 2979 | 6045 | 6577 | 7109 | 7651 |
| 58 | 391 | 894 | 1240 | 1670 | 1998 | 2340 | 2659 | 2981 | 6048 | 6579 | 7110 | 7652 |
| 59 | 392 | 895 | 1241 | 1671 | 1999 | 2341 | 2660 | 2982 | 6049 | 6580 | 7111 | 7653 |
| 60 | 393 | 896 | 1242 | 1672 | 2000 | 2342 | 2661 | 2983 | 6051 | 6581 | 7114 | 7654 |
| 61 | 394 | 897 | 1243 | 1673 | 2001 | 2343 | 2662 | 2984 | 6054 | 6582 | 7115 | 7656 |
| 62 | 395 | 898 | 1244 | 1674 | 2002 | 2344 | 2663 | 2985 | 6055 | 6583 | 7116 | 7657 |
| 63 | 396 | 899 | 1245 | 1675 | 2003 | 2345 | 2664 | 2986 | 6056 | 6584 | 7120 | 7658 |
| 64 | 397 | 900 | 1246 | 1676 | 2004 | 2346 | 2665 | 2987 | 6057 | 6585 | 7121 | 7659 |
| 65 | 398 | 901 | 1247 | 1677 | 2005 | 2347 | 2666 | 2988 | 6058 | 6587 | 7123 | 7660 |
| 66 | 399 | 902 | 1248 | 1678 | 2006 | 2348 | 2667 | 2989 | 6059 | 6589 | 7125 | 7662 |
| 67 | 400 | 903 | 1249 | 1679 | 2007 | 2349 | 2668 | 2990 | 6060 | 6590 | 7127 | 7663 |
| 68 | 401 | 904 | 1250 | 1680 | 2008 | 2350 | 2669 | 2991 | 6061 | 6591 | 7128 | 7665 |
| 69 | 402 | 905 | 1251 | 1681 | 2009 | 2351 | 2670 | 2992 | 6063 | 6594 | 7129 | 7667 |
| 70 | 403 | 906 | 1252 | 1682 | 2010 | 2352 | 2671 | 2993 | 6064 | 6595 | 7131 | 7668 |
| 71 | 404 | 907 | 1253 | 1683 | 2011 | 2353 | 2672 | 2994 | 6067 | 6596 | 7133 | 7669 |
| 72 | 406 | 908 | 1254 | 1684 | 2012 | 2354 | 2673 | 2995 | 6068 | 6598 | 7134 | 7670 |
| 73 | 407 | 909 | 1255 | 1685 | 2013 | 2355 | 2674 | 2997 | 6069 | 6600 | 7135 | 7674 |
| 74 | 408 | 910 | 1256 | 1686 | 2014 | 2356 | 2675 | 2998 | 6071 | 6601 | 7136 | 7675 |
| 75 | 409 | 911 | 1257 | 1687 | 2015 | 2357 | 2676 | 2999 | 6072 | 6602 | 7140 | 7676 |
| 76 | 410 | 912 | 1258 | 1688 | 2017 | 2358 | 2677 | 3001 | 6073 | 6603 | 7141 | 7677 |
| 77 | 413 | 913 | 1259 | 1689 | 2018 | 2359 | 2678 | 3002 | 6074 | 6606 | 7142 | 7679 |
| 78 | 415 | 914 | 1261 | 1690 | 2019 | 2360 | 2679 | 3003 | 6076 | 6607 | 7143 | 7681 |
| 79 | 416 | 915 | 1262 | 1691 | 2020 | 2361 | 2680 | 3004 | 6079 | 6608 | 7144 | 7682 |
| 80 | 419 | 916 | 1263 | 1692 | 2021 | 2362 | 2681 | 3005 | 6080 | 6609 | 7147 | 7685 |
| 81 | 420 | 917 | 1264 | 1693 | 2022 | 2363 | 2682 | 3006 | 6081 | 6610 | 7148 | 7686 |
| 82 | 421 | 918 | 1265 | 1694 | 2023 | 2364 | 2683 | 3007 | 6083 | 6611 | 7149 | 7689 |
| 83 | 424 | 919 | 1266 | 1695 | 2024 | 2365 | 2684 | 3008 | 6084 | 6612 | 7150 | 7693 |
| 85 | 426 | 920 | 1267 | 1696 | 2025 | 2366 | 2685 | 3009 | 6089 | 6613 | 7151 | 7694 |
| 86 | 427 | 921 | 1269 | 1697 | 2026 | 2367 | 2687 | 3010 | 6090 | 6614 | 7153 | 7695 |
| 87 | 428 | 922 | 1270 | 1698 | 2027 | 2368 | 2688 | 3011 | 6091 | 6615 | 7154 | 7698 |
| 88 | 429 | 923 | 1271 | 1699 | 2028 | 2369 | 2689 | 3012 | 6092 | 6617 | 7155 | 7700 |
| 89 | 432 | 924 | 1272 | 1700 | 2029 | 2370 | 2690 | 3014 | 6093 | 6618 | 7156 | 7701 |
| 90 | 433 | 925 | 1273 | 1701 | 2030 | 2371 | 2691 | 3015 | 6094 | 6619 | 7158 | 7702 |
| 91 | 438 | 926 | 1274 | 1702 | 2031 | 2372 | 2692 | 3016 | 6096 | 6621 | 7159 | 7706 |
| 92 | 441 | 927 | 1275 | 1703 | 2033 | 2373 | 2693 | 3018 | 6097 | 6622 | 7160 | 7707 |
| 94 | 446 | 928 | 1277 | 1704 | 2034 | 2374 | 2694 | 3019 | 6099 | 6623 | 7163 | 7708 |
| 95 | 449 | 929 | 1278 | 1705 | 2035 | 2375 | 2695 | 3020 | 6103 | 6624 | 7164 | 7713 |
| 96 | 450 | 930 | 1279 | 1706 | 2036 | 2376 | 2697 | 3021 | 6105 | 6625 | 7167 | 7715 |
| 97 | 452 | 931 | 1280 | 1707 | 2037 | 2377 | 2698 | 3022 | 6106 | 6627 | 7169 | 7717 |
| 98 | 460 | 932 | 1282 | 1708 | 2038 | 2378 | 2699 | 3023 | 6107 | 6629 | 7170 | 7719 |

【１３４１】

【表Ｄ４－４】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 99 | 461 | 933 | 1288 | 1709 | 2039 | 2379 | 2700 | 3025 | 6108 | 6630 | 7171 | 7721 |
| 100 | 462 | 934 | 1290 | 1710 | 2040 | 2380 | 2701 | 3026 | 6112 | 6632 | 7172 | 7722 |
| 101 | 464 | 936 | 1295 | 1711 | 2041 | 2381 | 2702 | 3027 | 6115 | 6635 | 7174 | 7723 |
| 102 | 465 | 937 | 1296 | 1712 | 2042 | 2382 | 2703 | 3028 | 6117 | 6639 | 7175 | 7724 |
| 103 | 469 | 938 | 1298 | 1713 | 2043 | 2383 | 2704 | 3029 | 6121 | 6642 | 7176 | 7726 |
| 104 | 470 | 939 | 1299 | 1714 | 2044 | 2384 | 2708 | 3030 | 6122 | 6644 | 7180 | 7727 |
| 105 | 472 | 940 | 1301 | 1715 | 2045 | 2385 | 2709 | 3031 | 6123 | 6645 | 7181 | 7729 |
| 106 | 475 | 942 | 1302 | 1716 | 2046 | 2386 | 2710 | 3033 | 6129 | 6646 | 7184 | 7730 |
| 107 | 476 | 943 | 1304 | 1717 | 2047 | 2387 | 2711 | 3034 | 6130 | 6648 | 7186 | 7731 |
| 108 | 480 | 944 | 1305 | 1718 | 2048 | 2388 | 2712 | 3035 | 6133 | 6650 | 7187 | 7732 |
| 110 | 481 | 945 | 1308 | 1719 | 2049 | 2389 | 2713 | 3036 | 6136 | 6651 | 7188 | 7737 |
| 112 | 483 | 946 | 1311 | 1720 | 2050 | 2390 | 2714 | 3037 | 6138 | 6652 | 7191 | 7740 |
| 113 | 484 | 948 | 1312 | 1721 | 2051 | 2391 | 2715 | 3038 | 6139 | 6654 | 7192 | 7741 |
| 114 | 486 | 950 | 1314 | 1722 | 2052 | 2392 | 2716 | 3039 | 6142 | 6655 | 7194 | |
| 115 | 488 | 951 | 1315 | 1723 | 2053 | 2393 | 2717 | 3040 | 6143 | 6656 | 7196 | |
| 116 | 489 | 952 | 1320 | 1725 | 2054 | 2394 | 2718 | 3041 | 6144 | 6659 | 7197 | |
| 117 | 495 | 957 | 1322 | 1726 | 2055 | 2395 | 2719 | 3042 | 6147 | 6664 | 7198 | |
| 118 | 502 | 958 | 1324 | 1728 | 2056 | 2396 | 2720 | 3043 | 6148 | 6665 | 7201 | |
| 119 | 503 | 959 | 1326 | 1729 | 2057 | 2397 | 2721 | 3044 | 6150 | 6666 | 7203 | |
| 120 | 504 | 960 | 1327 | 1730 | 2058 | 2398 | 2722 | 3045 | 6151 | 6671 | 7204 | |
| 121 | 510 | 961 | 1328 | 1731 | 2059 | 2399 | 2723 | 3046 | 6152 | 6674 | 7206 | |
| 122 | 517 | 962 | 1329 | 1733 | 2060 | 2400 | 2724 | 3047 | 6153 | 6675 | 7209 | |
| 123 | 522 | 963 | 1338 | 1734 | 2061 | 2401 | 2725 | 3048 | 6155 | 6676 | 7212 | |
| 124 | 523 | 964 | 1340 | 1735 | 2062 | 2402 | 2726 | 3049 | 6158 | 6679 | 7214 | |
| 125 | 524 | 965 | 1342 | 1736 | 2063 | 2403 | 2727 | 3050 | 6160 | 6680 | 7215 | |
| 126 | 527 | 966 | 1346 | 1737 | 2064 | 2404 | 2728 | 3051 | 6164 | 6681 | 7216 | |
| 127 | 534 | 967 | 1347 | 1738 | 2066 | 2405 | 2729 | 3052 | 6165 | 6683 | 7217 | |
| 128 | 535 | 968 | 1348 | 1739 | 2069 | 2406 | 2730 | 3053 | 6168 | 6684 | 7218 | |
| 129 | 536 | 969 | 1349 | 1741 | 2070 | 2407 | 2731 | 3054 | 6169 | 6685 | 7220 | |
| 130 | 537 | 970 | 1350 | 1742 | 2071 | 2408 | 2732 | 3055 | 6171 | 6686 | 7221 | |
| 131 | 538 | 971 | 1351 | 1743 | 2072 | 2409 | 2733 | 3056 | 6172 | 6687 | 7222 | |
| 132 | 539 | 972 | 1354 | 1744 | 2074 | 2410 | 2734 | 3057 | 6173 | 6688 | 7226 | |
| 133 | 540 | 973 | 1359 | 1745 | 2075 | 2411 | 2735 | 3058 | 6174 | 6690 | 7227 | |
| 134 | 541 | 974 | 1362 | 1747 | 2076 | 2412 | 2736 | 3059 | 6175 | 6691 | 7228 | |
| 135 | 542 | 975 | 1365 | 1748 | 2079 | 2413 | 2737 | 3060 | 6176 | 6692 | 7230 | |
| 136 | 543 | 976 | 1366 | 1750 | 2080 | 2414 | 2738 | 3061 | 6177 | 6693 | 7232 | |
| 137 | 544 | 977 | 1369 | 1751 | 2081 | 2415 | 2739 | 3062 | 6178 | 6695 | 7236 | |
| 138 | 545 | 978 | 1370 | 1752 | 2082 | 2416 | 2740 | 3063 | 6179 | 6698 | 7240 | |
| 139 | 546 | 979 | 1371 | 1753 | 2084 | 2417 | 2741 | 3064 | 6180 | 6705 | 7242 | |
| 140 | 547 | 980 | 1372 | 1754 | 2086 | 2418 | 2742 | 3065 | 6181 | 6706 | 7243 | |
| 141 | 548 | 981 | 1373 | 1755 | 2089 | 2419 | 2743 | 3066 | 6182 | 6708 | 7244 | |

【１３４２】

【表Ｄ４－５】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 142 | 549 | 982 | 1374 | 1756 | 2090 | 2420 | 2744 | 3067 | 6184 | 6709 | 7246 | |
| 143 | 550 | 983 | 1375 | 1757 | 2091 | 2422 | 2745 | 3070 | 6185 | 6713 | 7247 | |
| 144 | 553 | 984 | 1376 | 1758 | 2092 | 2423 | 2746 | 3071 | 6188 | 6715 | 7250 | |
| 145 | 554 | 985 | 1377 | 1759 | 2093 | 2424 | 2747 | 3072 | 6189 | 6716 | 7251 | |
| 146 | 555 | 986 | 1378 | 1760 | 2094 | 2425 | 2748 | 3073 | 6190 | 6717 | 7252 | |
| 147 | 556 | 987 | 1379 | 1761 | 2095 | 2426 | 2750 | 3074 | 6191 | 6718 | 7253 | |
| 148 | 557 | 988 | 1380 | 1762 | 2096 | 2427 | 2751 | 3075 | 6193 | 6719 | 7255 | |
| 149 | 558 | 989 | 1381 | 1764 | 2097 | 2431 | 2752 | 3076 | 6196 | 6720 | 7258 | |
| 150 | 559 | 990 | 1382 | 1765 | 2098 | 2436 | 2753 | 3077 | 6197 | 6722 | 7260 | |
| 151 | 560 | 991 | 1383 | 1766 | 2099 | 2438 | 2754 | 3078 | 6200 | 6724 | 7261 | |
| 153 | 561 | 992 | 1384 | 1767 | 2100 | 2440 | 2755 | 3079 | 6201 | 6726 | 7262 | |
| 154 | 562 | 993 | 1385 | 1769 | 2101 | 2441 | 2756 | 3080 | 6203 | 6728 | 7263 | |
| 155 | 563 | 994 | 1386 | 1770 | 2102 | 2442 | 2757 | 3081 | 6204 | 6730 | 7264 | |
| 156 | 565 | 996 | 1387 | 1771 | 2103 | 2443 | 2758 | 3082 | 6205 | 6731 | 7266 | |
| 157 | 566 | 997 | 1388 | 1772 | 2104 | 2444 | 2759 | 3083 | 6207 | 6732 | 7267 | |
| 158 | 567 | 999 | 1389 | 1773 | 2105 | 2445 | 2760 | 3084 | 6208 | 6733 | 7273 | |
| 159 | 568 | 1000 | 1390 | 1774 | 2106 | 2446 | 2761 | 3085 | 6215 | 6736 | 7274 | |
| 160 | 570 | 1001 | 1391 | 1775 | 2107 | 2447 | 2762 | 3086 | 6216 | 6738 | 7275 | |
| 161 | 571 | 1003 | 1392 | 1776 | 2108 | 2448 | 2763 | 3087 | 6218 | 6744 | 7276 | |
| 162 | 572 | 1004 | 1393 | 1777 | 2109 | 2449 | 2764 | 3088 | 6219 | 6746 | 7281 | |
| 163 | 575 | 1006 | 1394 | 1778 | 2111 | 2450 | 2765 | 3089 | 6223 | 6750 | 7282 | |
| 164 | 581 | 1007 | 1395 | 1779 | 2112 | 2451 | 2766 | 3090 | 6227 | 6751 | 7284 | |
| 165 | 583 | 1008 | 1396 | 1780 | 2113 | 2452 | 2767 | 3091 | 6234 | 6754 | 7286 | |
| 166 | 584 | 1009 | 1397 | 1781 | 2114 | 2453 | 2768 | 3092 | 6235 | 6756 | 7288 | |
| 167 | 585 | 1010 | 1398 | 1782 | 2115 | 2454 | 2769 | 3093 | 6236 | 6757 | 7291 | |
| 168 | 587 | 1011 | 1399 | 1783 | 2116 | 2455 | 2771 | 3094 | 6237 | 6758 | 7292 | |
| 169 | 589 | 1012 | 1400 | 1784 | 2117 | 2456 | 2772 | 3096 | 6240 | 6760 | 7293 | |
| 170 | 590 | 1013 | 1401 | 1785 | 2118 | 2457 | 2773 | 3097 | 6244 | 6761 | 7294 | |
| 171 | 591 | 1014 | 1402 | 1786 | 2119 | 2458 | 2774 | 3098 | 6247 | 6762 | 7297 | |
| 172 | 592 | 1015 | 1403 | 1787 | 2120 | 2459 | 2775 | 3099 | 6248 | 6765 | 7298 | |
| 173 | 593 | 1016 | 1404 | 1788 | 2121 | 2460 | 2776 | 3100 | 6250 | 6772 | 7299 | |
| 174 | 594 | 1017 | 1405 | 1789 | 2122 | 2461 | 2778 | 3101 | 6253 | 6773 | 7301 | |
| 175 | 595 | 1018 | 1406 | 1790 | 2123 | 2462 | 2779 | 3102 | 6254 | 6774 | 7302 | |
| 176 | 596 | 1019 | 1407 | 1792 | 2125 | 2463 | 2780 | 3103 | 6255 | 6776 | 7303 | |
| 178 | 597 | 1020 | 1408 | 1793 | 2126 | 2464 | 2781 | 3104 | 6257 | 6777 | 7305 | |
| 179 | 598 | 1021 | 1409 | 1794 | 2128 | 2465 | 2782 | 3107 | 6258 | 6778 | 7306 | |
| 180 | 599 | 1022 | 1410 | 1795 | 2129 | 2466 | 2783 | 3108 | 6263 | 6782 | 7307 | |
| 181 | 600 | 1023 | 1411 | 1796 | 2130 | 2467 | 2784 | 3109 | 6264 | 6783 | 7311 | |
| 182 | 601 | 1024 | 1412 | 1797 | 2132 | 2468 | 2785 | 3110 | 6265 | 6784 | 7312 | |
| 183 | 602 | 1025 | 1413 | 1799 | 2133 | 2469 | 2786 | 3111 | 6266 | 6785 | 7313 | |
| 184 | 604 | 1026 | 1414 | 1800 | 2135 | 2470 | 2787 | 3112 | 6267 | 6786 | 7317 | |

【１３４３】

【表Ｄ４－６】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 185 | 605 | 1027 | 1415 | 1801 | 2136 | 2471 | 2788 | 3113 | 6268 | 6788 | 7320 | |
| 186 | 606 | 1028 | 1416 | 1802 | 2137 | 2472 | 2789 | 3114 | 6269 | 6792 | 7322 | |
| 187 | 607 | 1029 | 1417 | 1803 | 2138 | 2473 | 2790 | 3115 | 6271 | 6793 | 7323 | |
| 188 | 610 | 1030 | 1418 | 1804 | 2140 | 2474 | 2791 | 3116 | 6272 | 6794 | 7326 | |
| 190 | 611 | 1031 | 1419 | 1805 | 2141 | 2476 | 2792 | 3117 | 6273 | 6795 | 7327 | |
| 191 | 614 | 1032 | 1420 | 1806 | 2142 | 2477 | 2793 | 3118 | 6275 | 6796 | 7328 | |
| 192 | 616 | 1033 | 1421 | 1808 | 2143 | 2478 | 2794 | 3119 | 6277 | 6797 | 7329 | |
| 194 | 617 | 1034 | 1422 | 1809 | 2144 | 2479 | 2795 | 3120 | 6278 | 6798 | 7331 | |
| 195 | 618 | 1035 | 1423 | 1810 | 2145 | 2480 | 2796 | 3121 | 6279 | 6800 | 7335 | |
| 196 | 624 | 1036 | 1424 | 1811 | 2146 | 2481 | 2797 | 3122 | 6280 | 6801 | 7336 | |
| 197 | 625 | 1037 | 1425 | 1812 | 2147 | 2482 | 2798 | 3123 | 6281 | 6802 | 7339 | |
| 198 | 628 | 1038 | 1426 | 1813 | 2148 | 2483 | 2799 | 3124 | 6282 | 6803 | 7342 | |
| 199 | 631 | 1039 | 1427 | 1815 | 2149 | 2484 | 2800 | 3125 | 6284 | 6808 | 7343 | |
| 200 | 633 | 1040 | 1428 | 1816 | 2150 | 2485 | 2801 | 3126 | 6285 | 6809 | 7345 | |
| 201 | 634 | 1041 | 1429 | 1818 | 2151 | 2488 | 2802 | 3127 | 6286 | 6811 | 7346 | |
| 203 | 636 | 1042 | 1430 | 1819 | 2152 | 2489 | 2803 | 3128 | 6287 | 6815 | 7347 | |
| 204 | 645 | 1043 | 1431 | 1824 | 2153 | 2490 | 2804 | 3129 | 6288 | 6822 | 7348 | |
| 205 | 647 | 1044 | 1432 | 1825 | 2154 | 2491 | 2805 | 3130 | 6290 | 6824 | 7349 | |
| 206 | 648 | 1045 | 1433 | 1827 | 2155 | 2492 | 2806 | 3131 | 6292 | 6826 | 7350 | |
| 207 | 649 | 1046 | 1434 | 1828 | 2156 | 2497 | 2807 | 3133 | 6293 | 6827 | 7352 | |
| 208 | 650 | 1047 | 1435 | 1829 | 2158 | 2498 | 2808 | 3134 | 6294 | 6829 | 7357 | |
| 209 | 652 | 1048 | 1436 | 1831 | 2159 | 2501 | 2809 | 3135 | 6298 | 6832 | 7358 | |
| 210 | 653 | 1049 | 1437 | 1834 | 2161 | 2502 | 2810 | 3136 | 6299 | 6833 | 7360 | |
| 211 | 654 | 1050 | 1439 | 1835 | 2162 | 2503 | 2811 | 3138 | 6304 | 6834 | 7361 | |
| 212 | 655 | 1051 | 1440 | 1838 | 2163 | 2504 | 2812 | 3139 | 6305 | 6835 | 7362 | |
| 213 | 656 | 1052 | 1441 | 1840 | 2164 | 2505 | 2813 | 3141 | 6307 | 6837 | 7364 | |
| 214 | 657 | 1053 | 1442 | 1842 | 2165 | 2506 | 2814 | 3142 | 6308 | 6841 | 7368 | |
| 215 | 659 | 1054 | 1443 | 1843 | 2166 | 2507 | 2815 | 3144 | 6309 | 6842 | 7369 | |
| 216 | 661 | 1055 | 1444 | 1844 | 2167 | 2508 | 2816 | 3146 | 6310 | 6845 | 7370 | |
| 217 | 662 | 1056 | 1445 | 1845 | 2168 | 2509 | 2817 | 3152 | 6311 | 6850 | 7371 | |
| 218 | 663 | 1057 | 1446 | 1846 | 2170 | 2510 | 2818 | 3153 | 6312 | 6852 | 7372 | |
| 219 | 664 | 1058 | 1447 | 1847 | 2171 | 2511 | 2819 | 3154 | 6313 | 6855 | 7374 | |
| 220 | 666 | 1059 | 1449 | 1848 | 2172 | 2512 | 2820 | 3155 | 6314 | 6857 | 7375 | |
| 222 | 667 | 1060 | 1450 | 1849 | 2173 | 2513 | 2821 | 3157 | 6315 | 6858 | 7377 | |
| 223 | 668 | 1061 | 1451 | 1850 | 2174 | 2514 | 2822 | 3162 | 6317 | 6859 | 7378 | |
| 225 | 669 | 1062 | 1452 | 1851 | 2175 | 2515 | 2823 | 3166 | 6319 | 6861 | 7379 | |
| 226 | 670 | 1063 | 1455 | 1852 | 2176 | 2516 | 2824 | 3167 | 6320 | 6863 | 7380 | |
| 227 | 673 | 1064 | 1456 | 1853 | 2177 | 2517 | 2825 | 3169 | 6322 | 6864 | 7381 | |
| 228 | 677 | 1065 | 1460 | 1855 | 2178 | 2518 | 2826 | 3171 | 6324 | 6865 | 7384 | |
| 229 | 678 | 1066 | 1462 | 1856 | 2179 | 2519 | 2827 | 3172 | 6325 | 6866 | 7387 | |
| 230 | 679 | 1067 | 1471 | 1857 | 2180 | 2520 | 2828 | 3173 | 6327 | 6867 | 7388 | |

【１３４４】

【表Ｄ４－７】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 232 | 680 | 1068 | 1473 | 1858 | 2182 | 2521 | 2829 | 3175 | 6328 | 6868 | 7389 | |
| 234 | 681 | 1069 | 1475 | 1859 | 2183 | 2522 | 2830 | 3176 | 6329 | 6869 | 7390 | |
| 235 | 687 | 1070 | 1488 | 1860 | 2184 | 2523 | 2831 | 3177 | 6334 | 6870 | 7392 | |
| 236 | 689 | 1071 | 1489 | 1861 | 2185 | 2524 | 2832 | 3180 | 6335 | 6872 | 7393 | |
| 237 | 690 | 1072 | 1491 | 1862 | 2186 | 2525 | 2833 | 3181 | 6339 | 6873 | 7394 | |
| 238 | 692 | 1073 | 1492 | 1863 | 2188 | 2526 | 2834 | 3183 | 6340 | 6874 | 7396 | |
| 239 | 694 | 1074 | 1493 | 1864 | 2189 | 2527 | 2835 | 3184 | 6343 | 6876 | 7397 | |
| 240 | 700 | 1075 | 1497 | 1865 | 2190 | 2528 | 2836 | 3188 | 6344 | 6877 | 7400 | |
| 241 | 702 | 1076 | 1499 | 1866 | 2191 | 2529 | 2837 | 3190 | 6345 | 6878 | 7402 | |
| 242 | 706 | 1077 | 1504 | 1867 | 2192 | 2530 | 2838 | 3196 | 6347 | 6879 | 7403 | |
| 243 | 711 | 1078 | 1505 | 1868 | 2193 | 2531 | 2839 | 3198 | 6349 | 6881 | 7404 | |
| 244 | 715 | 1079 | 1506 | 1869 | 2194 | 2532 | 2840 | 3199 | 6350 | 6882 | 7412 | |
| 245 | 716 | 1080 | 1507 | 1870 | 2195 | 2533 | 2841 | 3201 | 6351 | 6883 | 7413 | |
| 248 | 717 | 1081 | 1508 | 1871 | 2196 | 2534 | 2842 | 3202 | 6352 | 6885 | 7415 | |
| 249 | 720 | 1082 | 1510 | 1872 | 2197 | 2535 | 2843 | 3203 | 6353 | 6886 | 7416 | |
| 251 | 724 | 1083 | 1513 | 1873 | 2198 | 2536 | 2844 | 3204 | 6355 | 6890 | 7417 | |
| 252 | 726 | 1084 | 1515 | 1874 | 2199 | 2537 | 2845 | 3205 | 6356 | 6891 | 7418 | |
| 253 | 727 | 1085 | 1519 | 1875 | 2200 | 2538 | 2846 | 3206 | 6358 | 6892 | 7419 | |
| 254 | 729 | 1086 | 1521 | 1876 | 2201 | 2539 | 2847 | 3207 | 6359 | 6894 | 7424 | |
| 255 | 731 | 1087 | 1523 | 1877 | 2202 | 2540 | 2848 | 3208 | 6360 | 6896 | 7430 | |
| 256 | 738 | 1088 | 1524 | 1878 | 2204 | 2541 | 2849 | 3209 | 6363 | 6897 | 7431 | |
| 257 | 739 | 1089 | 1527 | 1879 | 2205 | 2542 | 2850 | 3211 | 6364 | 6898 | 7433 | |
| 258 | 740 | 1090 | 1529 | 1880 | 2206 | 2543 | 2851 | 3213 | 6366 | 6902 | 7434 | |
| 259 | 745 | 1091 | 1531 | 1881 | 2207 | 2544 | 2852 | 3214 | 6367 | 6906 | 7435 | |
| 261 | 747 | 1092 | 1539 | 1882 | 2210 | 2545 | 2853 | 3219 | 6370 | 6907 | 7436 | |
| 262 | 755 | 1093 | 1540 | 1883 | 2211 | 2546 | 2854 | 3220 | 6374 | 6908 | 7441 | |
| 263 | 756 | 1094 | 1541 | 1884 | 2212 | 2547 | 2855 | 3223 | 6377 | 6910 | 7442 | |
| 264 | 759 | 1095 | 1542 | 1885 | 2213 | 2548 | 2856 | 3225 | 6378 | 6911 | 7443 | |
| 265 | 765 | 1097 | 1543 | 1886 | 2214 | 2549 | 2857 | 3228 | 6380 | 6915 | 7444 | |
| 268 | 766 | 1103 | 1544 | 1887 | 2218 | 2550 | 2858 | 3233 | 6381 | 6917 | 7445 | |
| 269 | 767 | 1110 | 1545 | 1888 | 2219 | 2551 | 2859 | 3235 | 6384 | 6919 | 7448 | |
| 270 | 768 | 1115 | 1546 | 1889 | 2222 | 2552 | 2860 | 3240 | 6389 | 6920 | 7449 | |
| 271 | 769 | 1116 | 1547 | 1890 | 2223 | 2553 | 2861 | 3247 | 6390 | 6923 | 7450 | |
| 272 | 770 | 1117 | 1548 | 1891 | 2224 | 2554 | 2862 | 3248 | 6393 | 6925 | 7452 | |
| 273 | 771 | 1118 | 1549 | 1892 | 2225 | 2555 | 2864 | 3251 | 6394 | 6928 | 7453 | |
| 274 | 772 | 1119 | 1550 | 1893 | 2226 | 2556 | 2865 | 3252 | 6395 | 6930 | 7455 | |
| 275 | 773 | 1120 | 1551 | 1894 | 2227 | 2557 | 2866 | 3253 | 6396 | 6931 | 7458 | |
| 276 | 774 | 1121 | 1552 | 1895 | 2228 | 2558 | 2867 | 3254 | 6397 | 6932 | 7461 | |
| 277 | 775 | 1122 | 1553 | 1896 | 2229 | 2559 | 2868 | 3256 | 6402 | 6933 | 7466 | |
| 278 | 776 | 1124 | 1554 | 1897 | 2230 | 2560 | 2869 | 3259 | 6403 | 6934 | 7469 | |
| 279 | 780 | 1126 | 1555 | 1898 | 2231 | 2561 | 2870 | 3260 | 6407 | 6939 | 7471 | |

【１３４５】

【表Ｄ４－８】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 280 | 782 | 1131 | 1556 | 1899 | 2232 | 2562 | 2871 | 3261 | 6409 | 6942 | 7472 | |
| 281 | 783 | 1134 | 1557 | 1900 | 2233 | 2563 | 2872 | 3262 | 6410 | 6943 | 7473 | |
| 283 | 784 | 1136 | 1558 | 1901 | 2234 | 2564 | 2873 | 3263 | 6411 | 6944 | 7474 | |
| 284 | 789 | 1137 | 1559 | 1902 | 2235 | 2565 | 2874 | 3264 | 6412 | 6948 | 7476 | |
| 285 | 790 | 1138 | 1560 | 1903 | 2236 | 2566 | 2875 | 3266 | 6415 | 6950 | 7477 | |
| 286 | 797 | 1139 | 1561 | 1904 | 2237 | 2567 | 2876 | 3268 | 6417 | 6951 | 7479 | |
| 287 | 798 | 1140 | 1563 | 1905 | 2238 | 2568 | 2877 | 3269 | 6418 | 6952 | 7483 | |
| 290 | 799 | 1141 | 1564 | 1906 | 2239 | 2569 | 2878 | 3270 | 6419 | 6954 | 7485 | |
| 293 | 800 | 1142 | 1565 | 1907 | 2240 | 2570 | 2880 | 3272 | 6420 | 6961 | 7488 | |
| 294 | 801 | 1143 | 1566 | 1908 | 2241 | 2571 | 2881 | 3276 | 6421 | 6965 | 7489 | |
| 295 | 802 | 1144 | 1567 | 1909 | 2242 | 2572 | 2882 | 3277 | 6423 | 6966 | 7493 | |
| 296 | 803 | 1145 | 1568 | 1910 | 2244 | 2573 | 2884 | 3279 | 6424 | 6968 | 7496 | |
| 297 | 804 | 1146 | 1570 | 1911 | 2245 | 2574 | 2885 | 3282 | 6425 | 6969 | 7497 | |
| 298 | 805 | 1147 | 1571 | 1912 | 2246 | 2575 | 2886 | 3283 | 6426 | 6972 | 7499 | |
| 300 | 806 | 1148 | 1572 | 1913 | 2247 | 2576 | 2887 | 3286 | 6427 | 6974 | 7500 | |
| 301 | 807 | 1149 | 1573 | 1914 | 2248 | 2577 | 2888 | 3294 | 6431 | 6978 | 7501 | |
| 302 | 808 | 1150 | 1574 | 1915 | 2249 | 2578 | 2889 | 3296 | 6432 | 6979 | 7502 | |
| 303 | 809 | 1151 | 1575 | 1916 | 2250 | 2579 | 2890 | 3298 | 6433 | 6980 | 7507 | |
| 304 | 810 | 1152 | 1576 | 1917 | 2251 | 2580 | 2891 | 3300 | 6434 | 6982 | 7508 | |
| 305 | 811 | 1153 | 1577 | 1918 | 2252 | 2581 | 2892 | 3302 | 6435 | 6984 | 7509 | |
| 306 | 812 | 1154 | 1578 | 1920 | 2253 | 2582 | 2893 | 3303 | 6439 | 6985 | 7510 | |
| 308 | 813 | 1155 | 1579 | 1921 | 2254 | 2583 | 2894 | 3305 | 6440 | 6990 | 7511 | |
| 309 | 814 | 1156 | 1580 | 1922 | 2255 | 2584 | 2895 | 3306 | 6441 | 6993 | 7513 | |
| 310 | 815 | 1157 | 1581 | 1923 | 2256 | 2585 | 2896 | 3310 | 6442 | 6998 | 7515 | |
| 312 | 816 | 1158 | 1582 | 1924 | 2257 | 2586 | 2897 | 3313 | 6443 | 6999 | 7516 | |
| 313 | 817 | 1159 | 1583 | 1925 | 2259 | 2587 | 2898 | 3315 | 6444 | 7001 | 7518 | |
| 315 | 818 | 1160 | 1584 | 1926 | 2260 | 2588 | 2900 | 3316 | 6445 | 7003 | 7519 | |
| 316 | 819 | 1161 | 1585 | 1927 | 2261 | 2589 | 2901 | 3318 | 6449 | 7005 | 7520 | |
| 317 | 820 | 1162 | 1588 | 1928 | 2262 | 2590 | 2903 | 3323 | 6451 | 7006 | 7523 | |
| 318 | 821 | 1163 | 1590 | 1929 | 2263 | 2591 | 2904 | 3326 | 6453 | 7008 | 7525 | |
| 319 | 822 | 1164 | 1592 | 1931 | 2264 | 2592 | 2905 | 3329 | 6454 | 7009 | 7526 | |
| 320 | 823 | 1165 | 1593 | 1932 | 2265 | 2593 | 2906 | 4501 | 6455 | 7012 | 7529 | |
| 321 | 824 | 1166 | 1594 | 1934 | 2266 | 2594 | 2907 | 4502 | 6456 | 7013 | 7530 | |
| 322 | 825 | 1167 | 1597 | 1935 | 2268 | 2595 | 2908 | 4503 | 6457 | 7014 | 7532 | |
| 323 | 826 | 1168 | 1598 | 1936 | 2270 | 2596 | 2909 | 4504 | 6458 | 7015 | 7536 | |
| 324 | 827 | 1169 | 1599 | 1937 | 2271 | 2597 | 2910 | 4505 | 6459 | 7017 | 7537 | |
| 325 | 828 | 1170 | 1600 | 1938 | 2272 | 2598 | 2911 | 4506 | 6460 | 7021 | 7538 | |
| 327 | 829 | 1171 | 1604 | 1939 | 2273 | 2599 | 2912 | 4507 | 6461 | 7023 | 7540 | |
| 328 | 830 | 1172 | 1605 | 1940 | 2274 | 2600 | 2913 | 4508 | 6462 | 7024 | 7541 | |
| 329 | 831 | 1173 | 1606 | 1941 | 2275 | 2601 | 2914 | 4509 | 6465 | 7025 | 7545 | |
| 330 | 832 | 1174 | 1607 | 1942 | 2276 | 2602 | 2915 | 4510 | 6467 | 7026 | 7547 | |

【１３４６】

【表Ｄ４－９】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 331 | 833 | 1176 | 1608 | 1943 | 2277 | 2603 | 2916 | 4511 | 6469 | 7027 | 7548 | |
| 332 | 834 | 1177 | 1610 | 1944 | 2278 | 2604 | 2917 | 4512 | 6474 | 7030 | 7549 | |
| 333 | 835 | 1178 | 1611 | 1945 | 2279 | 2605 | 2918 | 4513 | 6476 | 7031 | 7550 | |
| 334 | 836 | 1181 | 1612 | 1946 | 2280 | 2606 | 2919 | 4514 | 6477 | 7033 | 7555 | |
| 335 | 837 | 1182 | 1616 | 1947 | 2281 | 2607 | 2920 | 4515 | 6478 | 7034 | 7556 | |
| 336 | 839 | 1184 | 1617 | 1948 | 2282 | 2608 | 2921 | 4516 | 6479 | 7035 | 7558 | |
| 337 | 840 | 1185 | 1618 | 1949 | 2286 | 2610 | 2922 | 4517 | 6480 | 7036 | 7560 | |
| 338 | 841 | 1186 | 1619 | 1950 | 2287 | 2611 | 2923 | 4518 | 6486 | 7037 | 7562 | |
| 339 | 842 | 1187 | 1620 | 1951 | 2288 | 2612 | 2925 | 4519 | 6488 | 7038 | 7565 | |
| 340 | 843 | 1188 | 1621 | 1952 | 2289 | 2613 | 2926 | 4520 | 6491 | 7040 | 7566 | |
| 341 | 844 | 1190 | 1622 | 1953 | 2291 | 2614 | 2927 | 4521 | 6492 | 7043 | 7567 | |
| 342 | 845 | 1193 | 1623 | 1954 | 2293 | 2615 | 2928 | 4522 | 6493 | 7045 | 7569 | |

【１３４７】

配列決定ライブラリーを、Ｕ２ＯＳ細胞内での試験鋳型ｇ１０（条件４）から抽出された元のＤＮＡについて再生成し、ゲノム編集活性の分析への組み込みが可能な新たなデータセットを得た。拡張された分析は、条件１、２、３、及び４の全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約２００の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの全ての条件において編集活性を有していたことを示す。これらは、以下の表Ｄ５に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３４８】

【表Ｄ５】

表D5. 条件1、2、3、及び4の全てにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 1012 | 1415 | 2309 | 2515 | 2675 | 2928 |
| 36 | 1016 | 1419 | 2314 | 2519 | 2681 | 2932 |
| 37 | 1017 | 1422 | 2316 | 2526 | 2731 | 2937 |
| 39 | 1018 | 1666 | 2319 | 2536 | 2780 | 2943 |
| 123 | 1019 | 1686 | 2322 | 2542 | 2782 | 2948 |
| 140 | 1022 | 1690 | 2325 | 2544 | 2784 | 2950 |
| 142 | 1023 | 1691 | 2326 | 2551 | 2787 | 3053 |
| 190 | 1029 | 1863 | 2327 | 2556 | 2789 | 3059 |
| 192 | 1038 | 1870 | 2328 | 2566 | 2791 | 3067 |
| 232 | 1052 | 1937 | 2329 | 2578 | 2800 | 3076 |
| 252 | 1059 | 1939 | 2331 | 2585 | 2801 | 3093 |
| 303 | 1061 | 1940 | 2338 | 2592 | 2802 | 3108 |
| 316 | 1137 | 1942 | 2342 | 2610 | 2804 | 3111 |
| 332 | 1198 | 1953 | 2347 | 2611 | 2813 | 3116 |
| 386 | 1210 | 1961 | 2353 | 2612 | 2817 | 3120 |
| 647 | 1225 | 1968 | 2363 | 2615 | 2826 | 3121 |
| 800 | 1242 | 1970 | 2364 | 2618 | 2833 | 3124 |
| 804 | 1371 | 1976 | 2365 | 2623 | 2835 | 3126 |
| 876 | 1374 | 1978 | 2371 | 2624 | 2838 | 3130 |
| 878 | 1375 | 2048 | 2382 | 2627 | 2865 | 4514 |
| 880 | 1376 | 2086 | 2395 | 2629 | 2874 | 4519 |
| 884 | 1382 | 2093 | 2403 | 2632 | 2877 | 4522 |
| 901 | 1383 | 2137 | 2449 | 2633 | 2887 | 6761 |
| 915 | 1384 | 2172 | 2504 | 2636 | 2888 | 6925 |
| 929 | 1385 | 2174 | 2505 | 2638 | 2890 | 7067 |
| 961 | 1390 | 2300 | 2508 | 2639 | 2901 | |
| 964 | 1394 | 2301 | 2510 | 2644 | 2904 | |
| 967 | 1397 | 2302 | 2511 | 2647 | 2909 | |
| 1006 | 1400 | 2303 | 2512 | 2666 | 2922 | |

【１３４９】

ライブラリー内の約４０３０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、この更なる分析を用いて、条件１、２、３、又は４のいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの少なくとも１つの分析される条件において編集活性を有していたことを示す。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ６に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３５０】

【表Ｄ６－１】

表D6. 条件1、2、3、又は4のいずれか1つにおいて.少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 486 | 1065 | 1642 | 2097 | 2560 | 2994 | 6192 | 6784 | 7361 |
| 2 | 488 | 1066 | 1644 | 2098 | 2561 | 2995 | 6193 | 6785 | 7362 |
| 3 | 489 | 1067 | 1645 | 2099 | 2562 | 2997 | 6195 | 6786 | 7364 |
| 4 | 495 | 1068 | 1646 | 2100 | 2563 | 2998 | 6196 | 6787 | 7368 |
| 5 | 499 | 1069 | 1648 | 2101 | 2564 | 2999 | 6197 | 6788 | 7369 |
| 6 | 502 | 1070 | 1649 | 2102 | 2565 | 3001 | 6200 | 6791 | 7370 |
| 7 | 503 | 1071 | 1651 | 2103 | 2566 | 3002 | 6201 | 6792 | 7371 |
| 9 | 504 | 1072 | 1652 | 2104 | 2567 | 3003 | 6203 | 6793 | 7372 |
| 10 | 510 | 1073 | 1653 | 2105 | 2568 | 3004 | 6204 | 6794 | 7374 |
| 12 | 517 | 1074 | 1654 | 2106 | 2569 | 3005 | 6205 | 6795 | 7375 |
| 13 | 522 | 1075 | 1655 | 2107 | 2570 | 3006 | 6206 | 6796 | 7377 |
| 14 | 523 | 1076 | 1656 | 2108 | 2571 | 3007 | 6207 | 6797 | 7378 |
| 17 | 524 | 1077 | 1657 | 2109 | 2572 | 3008 | 6208 | 6798 | 7379 |
| 18 | 527 | 1078 | 1658 | 2110 | 2573 | 3009 | 6210 | 6799 | 7380 |

【１３５１】

【表Ｄ６－２】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 19 | 532 | 1079 | 1659 | 2111 | 2574 | 3010 | 6212 | 6800 | 7381 |
| 22 | 534 | 1080 | 1660 | 2112 | 2575 | 3011 | 6213 | 6801 | 7382 |
| 24 | 535 | 1081 | 1661 | 2113 | 2576 | 3012 | 6214 | 6802 | 7384 |
| 28 | 536 | 1082 | 1662 | 2114 | 2577 | 3013 | 6215 | 6803 | 7386 |
| 33 | 537 | 1083 | 1663 | 2115 | 2578 | 3014 | 6216 | 6804 | 7387 |
| 34 | 538 | 1084 | 1664 | 2116 | 2579 | 3015 | 6217 | 6805 | 7388 |
| 35 | 539 | 1085 | 1665 | 2117 | 2580 | 3016 | 6218 | 6806 | 7389 |
| 36 | 540 | 1086 | 1666 | 2118 | 2581 | 3018 | 6219 | 6807 | 7390 |
| 37 | 541 | 1087 | 1667 | 2119 | 2582 | 3019 | 6222 | 6808 | 7391 |
| 38 | 542 | 1088 | 1668 | 2120 | 2583 | 3020 | 6223 | 6809 | 7392 |
| 39 | 543 | 1089 | 1669 | 2121 | 2584 | 3021 | 6226 | 6810 | 7393 |
| 40 | 544 | 1090 | 1670 | 2122 | 2585 | 3022 | 6227 | 6811 | 7394 |
| 41 | 545 | 1091 | 1671 | 2123 | 2586 | 3023 | 6229 | 6814 | 7396 |
| 42 | 546 | 1092 | 1672 | 2125 | 2587 | 3025 | 6234 | 6815 | 7397 |
| 43 | 547 | 1093 | 1673 | 2126 | 2588 | 3026 | 6235 | 6820 | 7398 |
| 44 | 548 | 1094 | 1674 | 2127 | 2589 | 3027 | 6236 | 6822 | 7400 |
| 45 | 549 | 1095 | 1675 | 2128 | 2590 | 3028 | 6237 | 6824 | 7402 |
| 46 | 550 | 1097 | 1676 | 2129 | 2591 | 3029 | 6239 | 6826 | 7403 |
| 47 | 553 | 1103 | 1677 | 2130 | 2592 | 3030 | 6240 | 6827 | 7404 |
| 48 | 554 | 1110 | 1678 | 2132 | 2593 | 3031 | 6241 | 6829 | 7406 |
| 49 | 555 | 1115 | 1679 | 2133 | 2594 | 3032 | 6243 | 6830 | 7409 |
| 50 | 556 | 1116 | 1680 | 2134 | 2595 | 3033 | 6244 | 6832 | 7412 |
| 51 | 557 | 1117 | 1681 | 2135 | 2596 | 3034 | 6245 | 6833 | 7413 |
| 52 | 558 | 1118 | 1682 | 2136 | 2597 | 3035 | 6247 | 6834 | 7414 |
| 53 | 559 | 1119 | 1683 | 2137 | 2598 | 3036 | 6248 | 6835 | 7415 |
| 54 | 560 | 1120 | 1684 | 2138 | 2599 | 3037 | 6249 | 6836 | 7416 |
| 55 | 561 | 1121 | 1685 | 2139 | 2600 | 3038 | 6250 | 6837 | 7417 |
| 56 | 562 | 1122 | 1686 | 2140 | 2601 | 3039 | 6253 | 6838 | 7418 |
| 57 | 563 | 1124 | 1687 | 2141 | 2602 | 3040 | 6254 | 6841 | 7419 |
| 58 | 564 | 1126 | 1688 | 2142 | 2603 | 3041 | 6255 | 6842 | 7420 |
| 59 | 565 | 1131 | 1689 | 2143 | 2604 | 3042 | 6257 | 6843 | 7424 |
| 60 | 566 | 1134 | 1690 | 2144 | 2605 | 3043 | 6258 | 6844 | 7426 |
| 61 | 567 | 1136 | 1691 | 2145 | 2606 | 3044 | 6261 | 6845 | 7427 |
| 62 | 568 | 1137 | 1692 | 2146 | 2607 | 3045 | 6263 | 6846 | 7428 |
| 63 | 570 | 1138 | 1693 | 2147 | 2608 | 3046 | 6264 | 6847 | 7430 |
| 64 | 571 | 1139 | 1694 | 2148 | 2610 | 3047 | 6265 | 6848 | 7431 |
| 65 | 572 | 1140 | 1695 | 2149 | 2611 | 3048 | 6266 | 6849 | 7432 |
| 66 | 575 | 1141 | 1696 | 2150 | 2612 | 3049 | 6267 | 6850 | 7433 |
| 67 | 581 | 1142 | 1697 | 2151 | 2613 | 3050 | 6268 | 6851 | 7434 |
| 68 | 583 | 1143 | 1698 | 2152 | 2614 | 3051 | 6269 | 6852 | 7435 |
| 69 | 584 | 1144 | 1699 | 2153 | 2615 | 3052 | 6271 | 6853 | 7436 |

【１３５２】

【表Ｄ６－３】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 70 | 585 | 1145 | 1700 | 2154 | 2616 | 3053 | 6272 | 6854 | 7438 |
| 71 | 587 | 1146 | 1701 | 2155 | 2617 | 3054 | 6273 | 6855 | 7441 |
| 72 | 589 | 1147 | 1702 | 2156 | 2618 | 3055 | 6275 | 6857 | 7442 |
| 73 | 590 | 1148 | 1703 | 2158 | 2619 | 3056 | 6277 | 6858 | 7443 |
| 74 | 591 | 1149 | 1704 | 2159 | 2620 | 3057 | 6278 | 6859 | 7444 |
| 75 | 592 | 1150 | 1705 | 2161 | 2621 | 3058 | 6279 | 6860 | 7445 |
| 76 | 593 | 1151 | 1706 | 2162 | 2622 | 3059 | 6280 | 6861 | 7446 |
| 77 | 594 | 1152 | 1707 | 2163 | 2623 | 3060 | 6281 | 6863 | 7448 |
| 78 | 595 | 1153 | 1708 | 2164 | 2624 | 3061 | 6282 | 6864 | 7449 |
| 79 | 596 | 1154 | 1709 | 2165 | 2625 | 3062 | 6284 | 6865 | 7450 |
| 80 | 597 | 1155 | 1710 | 2166 | 2626 | 3063 | 6285 | 6866 | 7451 |
| 81 | 598 | 1156 | 1711 | 2167 | 2627 | 3064 | 6286 | 6867 | 7452 |
| 82 | 599 | 1157 | 1712 | 2168 | 2628 | 3065 | 6287 | 6868 | 7453 |
| 83 | 600 | 1158 | 1713 | 2170 | 2629 | 3066 | 6288 | 6869 | 7455 |
| 84 | 601 | 1159 | 1714 | 2171 | 2630 | 3067 | 6290 | 6870 | 7457 |
| 85 | 602 | 1160 | 1715 | 2172 | 2631 | 3068 | 6292 | 6871 | 7458 |
| 86 | 604 | 1161 | 1716 | 2173 | 2632 | 3070 | 6293 | 6872 | 7461 |
| 87 | 605 | 1162 | 1717 | 2174 | 2633 | 3071 | 6294 | 6873 | 7462 |
| 88 | 606 | 1163 | 1718 | 2175 | 2634 | 3072 | 6295 | 6874 | 7464 |
| 89 | 607 | 1164 | 1719 | 2176 | 2635 | 3073 | 6298 | 6876 | 7466 |
| 90 | 610 | 1165 | 1720 | 2177 | 2636 | 3074 | 6299 | 6877 | 7467 |
| 91 | 611 | 1166 | 1721 | 2178 | 2637 | 3075 | 6302 | 6878 | 7469 |
| 92 | 614 | 1167 | 1722 | 2179 | 2638 | 3076 | 6304 | 6879 | 7470 |
| 94 | 616 | 1168 | 1723 | 2180 | 2639 | 3077 | 6305 | 6880 | 7471 |
| 95 | 617 | 1169 | 1724 | 2181 | 2640 | 3078 | 6306 | 6881 | 7472 |
| 96 | 618 | 1170 | 1725 | 2182 | 2641 | 3079 | 6307 | 6882 | 7473 |
| 97 | 624 | 1171 | 1726 | 2183 | 2642 | 3080 | 6308 | 6883 | 7474 |
| 98 | 625 | 1172 | 1728 | 2184 | 2643 | 3081 | 6309 | 6885 | 7475 |
| 99 | 626 | 1173 | 1729 | 2185 | 2644 | 3082 | 6310 | 6886 | 7476 |
| 100 | 628 | 1174 | 1730 | 2186 | 2645 | 3083 | 6311 | 6890 | 7477 |
| 101 | 631 | 1176 | 1731 | 2188 | 2646 | 3084 | 6312 | 6891 | 7479 |
| 102 | 632 | 1177 | 1733 | 2189 | 2647 | 3085 | 6313 | 6892 | 7483 |
| 103 | 633 | 1178 | 1734 | 2190 | 2648 | 3086 | 6314 | 6893 | 7484 |
| 104 | 634 | 1181 | 1735 | 2191 | 2649 | 3087 | 6315 | 6894 | 7485 |
| 105 | 636 | 1182 | 1736 | 2192 | 2650 | 3088 | 6316 | 6895 | 7488 |
| 106 | 640 | 1184 | 1737 | 2193 | 2651 | 3089 | 6317 | 6896 | 7489 |
| 107 | 645 | 1185 | 1738 | 2194 | 2652 | 3090 | 6319 | 6897 | 7491 |
| 108 | 647 | 1186 | 1739 | 2195 | 2653 | 3091 | 6320 | 6898 | 7492 |
| 110 | 648 | 1187 | 1740 | 2196 | 2654 | 3092 | 6321 | 6899 | 7493 |
| 112 | 649 | 1188 | 1741 | 2197 | 2655 | 3093 | 6322 | 6900 | 7494 |
| 113 | 650 | 1190 | 1742 | 2198 | 2656 | 3094 | 6324 | 6902 | 7495 |

【１３５３】

【表Ｄ６－４】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 114 | 652 | 1193 | 1743 | 2199 | 2657 | 3095 | 6325 | 6903 | 7496 |
| 115 | 653 | 1197 | 1744 | 2200 | 2658 | 3096 | 6326 | 6906 | 7497 |
| 116 | 654 | 1198 | 1745 | 2201 | 2659 | 3097 | 6327 | 6907 | 7499 |
| 117 | 655 | 1199 | 1747 | 2202 | 2660 | 3098 | 6328 | 6908 | 7500 |
| 118 | 656 | 1200 | 1748 | 2203 | 2661 | 3099 | 6329 | 6910 | 7501 |
| 119 | 657 | 1201 | 1750 | 2204 | 2662 | 3100 | 6331 | 6911 | 7502 |
| 120 | 659 | 1202 | 1751 | 2205 | 2663 | 3101 | 6334 | 6913 | 7503 |
| 121 | 660 | 1203 | 1752 | 2206 | 2664 | 3102 | 6335 | 6915 | 7505 |
| 122 | 661 | 1204 | 1753 | 2207 | 2665 | 3103 | 6336 | 6917 | 7507 |
| 123 | 662 | 1205 | 1754 | 2210 | 2666 | 3104 | 6337 | 6918 | 7508 |
| 124 | 663 | 1206 | 1755 | 2211 | 2667 | 3105 | 6338 | 6919 | 7509 |
| 125 | 664 | 1207 | 1756 | 2212 | 2668 | 3106 | 6339 | 6920 | 7510 |
| 126 | 666 | 1208 | 1757 | 2213 | 2669 | 3107 | 6340 | 6921 | 7511 |
| 127 | 667 | 1209 | 1758 | 2214 | 2670 | 3108 | 6343 | 6923 | 7512 |
| 128 | 668 | 1210 | 1759 | 2218 | 2671 | 3109 | 6344 | 6924 | 7513 |
| 129 | 669 | 1211 | 1760 | 2219 | 2672 | 3110 | 6345 | 6925 | 7514 |
| 130 | 670 | 1212 | 1761 | 2222 | 2673 | 3111 | 6347 | 6928 | 7515 |
| 131 | 673 | 1213 | 1762 | 2223 | 2674 | 3112 | 6349 | 6929 | 7516 |
| 132 | 677 | 1214 | 1764 | 2224 | 2675 | 3113 | 6350 | 6930 | 7517 |
| 133 | 678 | 1215 | 1765 | 2225 | 2676 | 3114 | 6351 | 6931 | 7518 |
| 134 | 679 | 1216 | 1766 | 2226 | 2677 | 3115 | 6352 | 6932 | 7519 |
| 135 | 680 | 1217 | 1767 | 2227 | 2678 | 3116 | 6353 | 6933 | 7520 |
| 136 | 681 | 1218 | 1769 | 2228 | 2679 | 3117 | 6355 | 6934 | 7521 |
| 137 | 684 | 1219 | 1770 | 2229 | 2680 | 3118 | 6356 | 6939 | 7523 |
| 138 | 687 | 1220 | 1771 | 2230 | 2681 | 3119 | 6357 | 6942 | 7525 |
| 139 | 689 | 1221 | 1772 | 2231 | 2682 | 3120 | 6358 | 6943 | 7526 |
| 140 | 690 | 1222 | 1773 | 2232 | 2683 | 3121 | 6359 | 6944 | 7528 |
| 141 | 692 | 1223 | 1774 | 2233 | 2684 | 3122 | 6360 | 6947 | 7529 |
| 142 | 694 | 1224 | 1775 | 2234 | 2685 | 3123 | 6363 | 6948 | 7530 |
| 143 | 700 | 1225 | 1776 | 2235 | 2686 | 3124 | 6364 | 6950 | 7532 |
| 144 | 702 | 1226 | 1777 | 2236 | 2687 | 3125 | 6366 | 6951 | 7534 |
| 145 | 706 | 1227 | 1778 | 2237 | 2688 | 3126 | 6367 | 6952 | 7535 |
| 146 | 711 | 1228 | 1779 | 2238 | 2689 | 3127 | 6368 | 6953 | 7536 |
| 147 | 715 | 1229 | 1780 | 2239 | 2690 | 3128 | 6369 | 6954 | 7537 |
| 148 | 716 | 1230 | 1781 | 2240 | 2691 | 3129 | 6370 | 6957 | 7538 |
| 149 | 717 | 1231 | 1782 | 2241 | 2692 | 3130 | 6372 | 6961 | 7540 |
| 150 | 719 | 1232 | 1783 | 2242 | 2693 | 3131 | 6374 | 6962 | 7541 |
| 151 | 720 | 1233 | 1784 | 2244 | 2694 | 3132 | 6377 | 6965 | 7542 |
| 152 | 724 | 1234 | 1785 | 2245 | 2695 | 3133 | 6378 | 6966 | 7545 |
| 153 | 726 | 1235 | 1786 | 2246 | 2696 | 3134 | 6379 | 6968 | 7547 |
| 154 | 727 | 1236 | 1787 | 2247 | 2697 | 3135 | 6380 | 6969 | 7548 |

【１３５４】

【表Ｄ６－５】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 155 | 729 | 1237 | 1788 | 2248 | 2698 | 3136 | 6381 | 6970 | 7549 |
| 156 | 731 | 1238 | 1789 | 2249 | 2699 | 3138 | 6383 | 6971 | 7550 |
| 157 | 738 | 1239 | 1790 | 2250 | 2700 | 3139 | 6384 | 6972 | 7555 |
| 158 | 739 | 1240 | 1792 | 2251 | 2701 | 3141 | 6385 | 6973 | 7556 |
| 159 | 740 | 1241 | 1793 | 2252 | 2702 | 3142 | 6389 | 6974 | 7558 |
| 160 | 745 | 1242 | 1794 | 2253 | 2703 | 3144 | 6390 | 6976 | 7560 |
| 161 | 747 | 1243 | 1795 | 2254 | 2704 | 3146 | 6393 | 6978 | 7561 |
| 162 | 755 | 1244 | 1796 | 2255 | 2708 | 3147 | 6394 | 6979 | 7562 |
| 163 | 756 | 1245 | 1797 | 2256 | 2709 | 3152 | 6395 | 6980 | 7563 |
| 164 | 759 | 1246 | 1799 | 2257 | 2710 | 3153 | 6396 | 6982 | 7564 |
| 165 | 765 | 1247 | 1800 | 2259 | 2711 | 3154 | 6397 | 6984 | 7565 |
| 166 | 766 | 1248 | 1801 | 2260 | 2712 | 3155 | 6398 | 6985 | 7566 |
| 167 | 767 | 1249 | 1802 | 2261 | 2713 | 3157 | 6399 | 6989 | 7567 |
| 168 | 768 | 1250 | 1803 | 2262 | 2714 | 3162 | 6400 | 6990 | 7568 |
| 169 | 769 | 1251 | 1804 | 2263 | 2715 | 3163 | 6401 | 6993 | 7569 |
| 170 | 770 | 1252 | 1805 | 2264 | 2716 | 3166 | 6402 | 6996 | 7570 |
| 171 | 771 | 1253 | 1806 | 2265 | 2717 | 3167 | 6403 | 6998 | 7574 |
| 172 | 772 | 1254 | 1808 | 2266 | 2718 | 3169 | 6404 | 6999 | 7575 |
| 173 | 773 | 1255 | 1809 | 2268 | 2719 | 3171 | 6406 | 7001 | 7576 |
| 174 | 774 | 1256 | 1810 | 2270 | 2720 | 3172 | 6407 | 7002 | 7579 |
| 175 | 775 | 1257 | 1811 | 2271 | 2721 | 3173 | 6409 | 7003 | 7580 |
| 176 | 776 | 1258 | 1812 | 2272 | 2722 | 3175 | 6410 | 7004 | 7581 |
| 177 | 780 | 1259 | 1813 | 2273 | 2723 | 3176 | 6411 | 7005 | 7582 |
| 178 | 781 | 1261 | 1815 | 2274 | 2724 | 3177 | 6412 | 7006 | 7585 |
| 179 | 782 | 1262 | 1816 | 2275 | 2725 | 3180 | 6415 | 7007 | 7586 |
| 180 | 783 | 1263 | 1818 | 2276 | 2726 | 3181 | 6417 | 7008 | 7587 |
| 181 | 784 | 1264 | 1819 | 2277 | 2727 | 3183 | 6418 | 7009 | 7588 |
| 182 | 785 | 1265 | 1824 | 2278 | 2728 | 3184 | 6419 | 7012 | 7590 |
| 183 | 789 | 1266 | 1825 | 2279 | 2729 | 3188 | 6420 | 7013 | 7591 |
| 184 | 790 | 1267 | 1827 | 2280 | 2730 | 3190 | 6421 | 7014 | 7592 |
| 185 | 794 | 1268 | 1828 | 2281 | 2731 | 3196 | 6423 | 7015 | 7595 |
| 186 | 797 | 1269 | 1829 | 2282 | 2732 | 3198 | 6424 | 7016 | 7596 |
| 187 | 798 | 1270 | 1831 | 2286 | 2733 | 3199 | 6425 | 7017 | 7597 |
| 188 | 799 | 1271 | 1832 | 2287 | 2734 | 3201 | 6426 | 7020 | 7599 |
| 190 | 800 | 1272 | 1834 | 2288 | 2735 | 3202 | 6427 | 7021 | 7600 |
| 191 | 801 | 1273 | 1835 | 2289 | 2736 | 3203 | 6431 | 7023 | 7603 |
| 192 | 802 | 1274 | 1838 | 2291 | 2737 | 3204 | 6432 | 7024 | 7606 |
| 193 | 803 | 1275 | 1840 | 2293 | 2738 | 3205 | 6433 | 7025 | 7607 |
| 194 | 804 | 1276 | 1842 | 2294 | 2739 | 3206 | 6434 | 7026 | 7610 |
| 195 | 805 | 1277 | 1843 | 2295 | 2740 | 3207 | 6435 | 7027 | 7612 |
| 196 | 806 | 1278 | 1844 | 2299 | 2741 | 3208 | 6437 | 7028 | 7613 |

【１３５５】

【表Ｄ６－６】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 197 | 807 | 1279 | 1845 | 2300 | 2742 | 3209 | 6439 | 7030 | 7615 |
| 198 | 808 | 1280 | 1846 | 2301 | 2743 | 3211 | 6440 | 7031 | 7620 |
| 199 | 809 | 1282 | 1847 | 2302 | 2744 | 3213 | 6441 | 7032 | 7621 |
| 200 | 810 | 1288 | 1848 | 2303 | 2745 | 3214 | 6442 | 7033 | 7622 |
| 201 | 811 | 1290 | 1849 | 2304 | 2746 | 3218 | 6443 | 7034 | 7624 |
| 202 | 812 | 1295 | 1850 | 2305 | 2747 | 3219 | 6444 | 7035 | 7625 |
| 203 | 813 | 1296 | 1851 | 2306 | 2748 | 3220 | 6445 | 7036 | 7626 |
| 204 | 814 | 1298 | 1852 | 2307 | 2750 | 3223 | 6446 | 7037 | 7627 |
| 205 | 815 | 1299 | 1853 | 2308 | 2751 | 3225 | 6448 | 7038 | 7628 |
| 206 | 816 | 1301 | 1855 | 2309 | 2752 | 3228 | 6449 | 7040 | 7629 |
| 207 | 817 | 1302 | 1856 | 2310 | 2753 | 3233 | 6451 | 7043 | 7631 |
| 208 | 818 | 1304 | 1857 | 2311 | 2754 | 3234 | 6453 | 7045 | 7632 |
| 209 | 819 | 1305 | 1858 | 2312 | 2755 | 3235 | 6454 | 7046 | 7633 |
| 210 | 820 | 1308 | 1859 | 2313 | 2756 | 3240 | 6455 | 7047 | 7634 |
| 211 | 821 | 1311 | 1860 | 2314 | 2757 | 3247 | 6456 | 7049 | 7635 |
| 212 | 822 | 1312 | 1861 | 2315 | 2758 | 3248 | 6457 | 7050 | 7636 |
| 213 | 823 | 1314 | 1862 | 2316 | 2759 | 3251 | 6458 | 7051 | 7638 |
| 214 | 824 | 1315 | 1863 | 2317 | 2760 | 3252 | 6459 | 7052 | 7643 |
| 215 | 825 | 1320 | 1864 | 2318 | 2761 | 3253 | 6460 | 7053 | 7644 |
| 216 | 826 | 1322 | 1865 | 2319 | 2762 | 3254 | 6461 | 7054 | 7645 |
| 217 | 827 | 1324 | 1866 | 2320 | 2763 | 3256 | 6462 | 7055 | 7646 |
| 218 | 828 | 1326 | 1867 | 2321 | 2764 | 3259 | 6463 | 7056 | 7649 |
| 219 | 829 | 1327 | 1868 | 2322 | 2765 | 3260 | 6465 | 7058 | 7650 |
| 220 | 830 | 1328 | 1869 | 2323 | 2766 | 3261 | 6467 | 7059 | 7651 |
| 221 | 831 | 1329 | 1870 | 2324 | 2767 | 3262 | 6469 | 7060 | 7652 |
| 222 | 832 | 1338 | 1871 | 2325 | 2768 | 3263 | 6473 | 7062 | 7653 |
| 223 | 833 | 1340 | 1872 | 2326 | 2769 | 3264 | 6474 | 7063 | 7654 |
| 224 | 834 | 1342 | 1873 | 2327 | 2770 | 3265 | 6475 | 7064 | 7656 |
| 225 | 835 | 1346 | 1874 | 2328 | 2771 | 3266 | 6476 | 7065 | 7657 |
| 226 | 836 | 1347 | 1875 | 2329 | 2772 | 3268 | 6477 | 7067 | 7658 |
| 227 | 837 | 1348 | 1876 | 2330 | 2773 | 3269 | 6478 | 7068 | 7659 |
| 228 | 839 | 1349 | 1877 | 2331 | 2774 | 3270 | 6479 | 7070 | 7660 |
| 229 | 840 | 1350 | 1878 | 2332 | 2775 | 3272 | 6480 | 7072 | 7662 |
| 230 | 841 | 1351 | 1879 | 2333 | 2776 | 3276 | 6484 | 7073 | 7663 |
| 231 | 842 | 1354 | 1880 | 2334 | 2778 | 3277 | 6486 | 7074 | 7665 |
| 232 | 843 | 1357 | 1881 | 2335 | 2779 | 3279 | 6488 | 7075 | 7666 |
| 233 | 844 | 1359 | 1882 | 2336 | 2780 | 3282 | 6490 | 7077 | 7667 |
| 234 | 845 | 1362 | 1883 | 2337 | 2781 | 3283 | 6491 | 7078 | 7668 |
| 235 | 846 | 1365 | 1884 | 2338 | 2782 | 3286 | 6492 | 7079 | 7669 |
| 236 | 847 | 1366 | 1885 | 2339 | 2783 | 3294 | 6493 | 7080 | 7670 |
| 237 | 848 | 1369 | 1886 | 2340 | 2784 | 3296 | 6495 | 7081 | 7674 |

【１３５６】

【表Ｄ６－７】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 238 | 849 | 1370 | 1887 | 2341 | 2785 | 3298 | 6496 | 7082 | 7675 |
| 239 | 850 | 1371 | 1888 | 2342 | 2786 | 3299 | 6497 | 7083 | 7676 |
| 240 | 852 | 1372 | 1889 | 2343 | 2787 | 3300 | 6499 | 7084 | 7677 |
| 241 | 853 | 1373 | 1890 | 2344 | 2788 | 3302 | 6501 | 7085 | 7678 |
| 242 | 854 | 1374 | 1891 | 2345 | 2789 | 3303 | 6502 | 7087 | 7679 |
| 243 | 855 | 1375 | 1892 | 2346 | 2790 | 3305 | 6503 | 7088 | 7681 |
| 244 | 856 | 1376 | 1893 | 2347 | 2791 | 3306 | 6505 | 7089 | 7682 |
| 245 | 857 | 1377 | 1894 | 2348 | 2792 | 3310 | 6506 | 7090 | 7685 |
| 246 | 860 | 1378 | 1895 | 2349 | 2793 | 3313 | 6507 | 7091 | 7686 |
| 247 | 861 | 1379 | 1896 | 2350 | 2794 | 3315 | 6509 | 7092 | 7689 |
| 248 | 862 | 1380 | 1897 | 2351 | 2795 | 3316 | 6510 | 7093 | 7693 |
| 249 | 863 | 1381 | 1898 | 2352 | 2796 | 3318 | 6511 | 7095 | 7694 |
| 250 | 866 | 1382 | 1899 | 2353 | 2797 | 3323 | 6512 | 7096 | 7695 |
| 251 | 867 | 1383 | 1900 | 2354 | 2798 | 3326 | 6515 | 7097 | 7698 |
| 252 | 868 | 1384 | 1901 | 2355 | 2799 | 3329 | 6522 | 7098 | 7700 |
| 253 | 869 | 1385 | 1902 | 2356 | 2800 | 4501 | 6524 | 7099 | 7701 |
| 254 | 870 | 1386 | 1903 | 2357 | 2801 | 4502 | 6525 | 7100 | 7702 |
| 255 | 871 | 1387 | 1904 | 2358 | 2802 | 4503 | 6526 | 7103 | 7705 |
| 256 | 872 | 1388 | 1905 | 2359 | 2803 | 4504 | 6527 | 7104 | 7706 |
| 257 | 873 | 1389 | 1906 | 2360 | 2804 | 4505 | 6529 | 7105 | 7707 |
| 258 | 874 | 1390 | 1907 | 2361 | 2805 | 4506 | 6530 | 7106 | 7708 |
| 259 | 875 | 1391 | 1908 | 2362 | 2806 | 4507 | 6531 | 7109 | 7713 |
| 261 | 876 | 1392 | 1909 | 2363 | 2807 | 4508 | 6532 | 7110 | 7715 |
| 262 | 877 | 1393 | 1910 | 2364 | 2808 | 4509 | 6533 | 7111 | 7717 |
| 263 | 878 | 1394 | 1911 | 2365 | 2809 | 4510 | 6535 | 7112 | 7718 |
| 264 | 879 | 1395 | 1912 | 2366 | 2810 | 4511 | 6538 | 7114 | 7719 |
| 265 | 880 | 1396 | 1913 | 2367 | 2811 | 4512 | 6540 | 7115 | 7720 |
| 266 | 881 | 1397 | 1914 | 2368 | 2812 | 4513 | 6541 | 7116 | 7721 |
| 267 | 882 | 1398 | 1915 | 2369 | 2813 | 4514 | 6542 | 7118 | 7722 |
| 268 | 883 | 1399 | 1916 | 2370 | 2814 | 4515 | 6543 | 7119 | 7723 |
| 269 | 884 | 1400 | 1917 | 2371 | 2815 | 4516 | 6544 | 7120 | 7724 |
| 270 | 885 | 1401 | 1918 | 2372 | 2816 | 4517 | 6545 | 7121 | 7726 |
| 271 | 886 | 1402 | 1919 | 2373 | 2817 | 4518 | 6547 | 7123 | 7727 |
| 272 | 887 | 1403 | 1920 | 2374 | 2818 | 4519 | 6548 | 7125 | 7728 |
| 273 | 888 | 1404 | 1921 | 2375 | 2819 | 4520 | 6549 | 7127 | 7729 |
| 274 | 889 | 1405 | 1922 | 2376 | 2820 | 4521 | 6551 | 7128 | 7730 |
| 275 | 890 | 1406 | 1923 | 2377 | 2821 | 4522 | 6552 | 7129 | 7731 |
| 276 | 891 | 1407 | 1924 | 2378 | 2822 | 4523 | 6554 | 7131 | 7732 |
| 277 | 892 | 1408 | 1925 | 2379 | 2823 | 4524 | 6555 | 7133 | 7733 |
| 278 | 893 | 1409 | 1926 | 2380 | 2824 | 4525 | 6557 | 7134 | 7734 |
| 279 | 894 | 1410 | 1927 | 2381 | 2825 | 4526 | 6559 | 7135 | 7735 |

【１３５７】

【表Ｄ６－８】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 280 | 895 | 1411 | 1928 | 2382 | 2826 | 4527 | 6561 | 7136 | 7737 |
| 281 | 896 | 1412 | 1929 | 2383 | 2827 | 4528 | 6563 | 7140 | 7738 |
| 283 | 897 | 1413 | 1931 | 2384 | 2828 | 4529 | 6564 | 7141 | 7739 |
| 284 | 898 | 1414 | 1932 | 2385 | 2829 | 4530 | 6565 | 7142 | 7740 |
| 285 | 899 | 1415 | 1933 | 2386 | 2830 | 4531 | 6566 | 7143 | 7741 |
| 286 | 900 | 1416 | 1934 | 2387 | 2831 | 4532 | 6567 | 7144 | |
| 287 | 901 | 1417 | 1935 | 2388 | 2832 | 4533 | 6568 | 7147 | |
| 290 | 902 | 1418 | 1936 | 2389 | 2833 | 4534 | 6569 | 7148 | |
| 293 | 903 | 1419 | 1937 | 2390 | 2834 | 4535 | 6572 | 7149 | |
| 294 | 904 | 1420 | 1938 | 2391 | 2835 | 4536 | 6573 | 7150 | |
| 295 | 905 | 1421 | 1939 | 2392 | 2836 | 4537 | 6575 | 7151 | |
| 296 | 906 | 1422 | 1940 | 2393 | 2837 | 4538 | 6577 | 7152 | |
| 297 | 907 | 1423 | 1941 | 2394 | 2838 | 4539 | 6579 | 7153 | |
| 298 | 908 | 1424 | 1942 | 2395 | 2839 | 4540 | 6580 | 7154 | |
| 299 | 909 | 1425 | 1943 | 2396 | 2840 | 4541 | 6581 | 7155 | |
| 300 | 910 | 1426 | 1944 | 2397 | 2841 | 6001 | 6582 | 7156 | |
| 301 | 911 | 1427 | 1945 | 2398 | 2842 | 6004 | 6583 | 7158 | |
| 302 | 912 | 1428 | 1946 | 2399 | 2843 | 6006 | 6584 | 7159 | |
| 303 | 913 | 1429 | 1947 | 2400 | 2844 | 6007 | 6585 | 7160 | |
| 304 | 914 | 1430 | 1948 | 2401 | 2845 | 6008 | 6586 | 7161 | |
| 305 | 915 | 1431 | 1949 | 2402 | 2846 | 6010 | 6587 | 7162 | |
| 306 | 916 | 1432 | 1950 | 2403 | 2847 | 6011 | 6588 | 7163 | |
| 307 | 917 | 1433 | 1951 | 2404 | 2848 | 6012 | 6589 | 7164 | |
| 308 | 918 | 1434 | 1952 | 2405 | 2849 | 6013 | 6590 | 7166 | |
| 309 | 919 | 1435 | 1953 | 2406 | 2850 | 6014 | 6591 | 7167 | |
| 310 | 920 | 1436 | 1954 | 2407 | 2851 | 6015 | 6593 | 7168 | |
| 312 | 921 | 1437 | 1955 | 2408 | 2852 | 6017 | 6594 | 7169 | |
| 313 | 922 | 1439 | 1956 | 2409 | 2853 | 6018 | 6595 | 7170 | |
| 314 | 923 | 1440 | 1957 | 2410 | 2854 | 6019 | 6596 | 7171 | |
| 315 | 924 | 1441 | 1958 | 2411 | 2855 | 6021 | 6597 | 7172 | |
| 316 | 925 | 1442 | 1959 | 2412 | 2856 | 6022 | 6598 | 7174 | |
| 317 | 926 | 1443 | 1960 | 2413 | 2857 | 6023 | 6599 | 7175 | |
| 318 | 927 | 1444 | 1961 | 2414 | 2858 | 6024 | 6600 | 7176 | |
| 319 | 928 | 1445 | 1962 | 2415 | 2859 | 6025 | 6601 | 7177 | |
| 320 | 929 | 1446 | 1963 | 2416 | 2860 | 6026 | 6602 | 7179 | |
| 321 | 930 | 1447 | 1964 | 2417 | 2861 | 6028 | 6603 | 7180 | |
| 322 | 931 | 1448 | 1965 | 2418 | 2862 | 6029 | 6605 | 7181 | |
| 323 | 932 | 1449 | 1966 | 2419 | 2863 | 6030 | 6606 | 7183 | |
| 324 | 933 | 1450 | 1967 | 2420 | 2864 | 6031 | 6607 | 7184 | |
| 325 | 934 | 1451 | 1968 | 2422 | 2865 | 6033 | 6608 | 7186 | |
| 326 | 936 | 1452 | 1969 | 2423 | 2866 | 6035 | 6609 | 7187 | |

【１３５８】

【表Ｄ６－９】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 327 | 937 | 1455 | 1970 | 2424 | 2867 | 6036 | 6610 | 7188 | |
| 328 | 938 | 1456 | 1971 | 2425 | 2868 | 6038 | 6611 | 7191 | |
| 329 | 939 | 1460 | 1972 | 2426 | 2869 | 6040 | 6612 | 7192 | |
| 330 | 940 | 1462 | 1973 | 2427 | 2870 | 6041 | 6613 | 7194 | |
| 331 | 941 | 1471 | 1974 | 2431 | 2871 | 6043 | 6614 | 7195 | |
| 332 | 942 | 1473 | 1975 | 2436 | 2872 | 6045 | 6615 | 7196 | |
| 333 | 943 | 1475 | 1976 | 2438 | 2873 | 6046 | 6617 | 7197 | |
| 334 | 944 | 1488 | 1977 | 2440 | 2874 | 6048 | 6618 | 7198 | |
| 335 | 945 | 1489 | 1978 | 2441 | 2875 | 6049 | 6619 | 7201 | |
| 336 | 946 | 1491 | 1979 | 2442 | 2876 | 6050 | 6621 | 7203 | |
| 337 | 948 | 1492 | 1980 | 2443 | 2877 | 6051 | 6622 | 7204 | |
| 338 | 950 | 1493 | 1981 | 2444 | 2878 | 6054 | 6623 | 7206 | |
| 339 | 951 | 1497 | 1982 | 2445 | 2880 | 6055 | 6624 | 7208 | |
| 340 | 952 | 1499 | 1983 | 2446 | 2881 | 6056 | 6625 | 7209 | |
| 341 | 957 | 1504 | 1984 | 2447 | 2882 | 6057 | 6627 | 7210 | |
| 342 | 958 | 1505 | 1985 | 2448 | 2884 | 6058 | 6628 | 7212 | |
| 343 | 959 | 1506 | 1986 | 2449 | 2885 | 6059 | 6629 | 7214 | |
| 344 | 960 | 1507 | 1987 | 2450 | 2886 | 6060 | 6630 | 7215 | |
| 345 | 961 | 1508 | 1988 | 2451 | 2887 | 6061 | 6632 | 7216 | |
| 346 | 962 | 1510 | 1989 | 2452 | 2888 | 6063 | 6635 | 7217 | |
| 347 | 963 | 1513 | 1990 | 2453 | 2889 | 6064 | 6637 | 7218 | |
| 348 | 964 | 1515 | 1991 | 2454 | 2890 | 6066 | 6639 | 7220 | |
| 349 | 965 | 1519 | 1992 | 2455 | 2891 | 6067 | 6642 | 7221 | |
| 350 | 966 | 1521 | 1993 | 2456 | 2892 | 6068 | 6644 | 7222 | |
| 351 | 967 | 1523 | 1994 | 2457 | 2893 | 6069 | 6645 | 7223 | |
| 352 | 968 | 1524 | 1995 | 2458 | 2894 | 6071 | 6646 | 7226 | |
| 353 | 969 | 1527 | 1996 | 2459 | 2895 | 6072 | 6648 | 7227 | |
| 354 | 970 | 1529 | 1997 | 2460 | 2896 | 6073 | 6650 | 7228 | |
| 355 | 971 | 1531 | 1998 | 2461 | 2897 | 6074 | 6651 | 7230 | |
| 356 | 972 | 1539 | 1999 | 2462 | 2898 | 6075 | 6652 | 7231 | |
| 357 | 973 | 1540 | 2000 | 2463 | 2899 | 6076 | 6654 | 7232 | |
| 358 | 974 | 1541 | 2001 | 2464 | 2900 | 6079 | 6655 | 7233 | |
| 359 | 975 | 1542 | 2002 | 2465 | 2901 | 6080 | 6656 | 7235 | |
| 360 | 976 | 1543 | 2003 | 2466 | 2902 | 6081 | 6659 | 7236 | |
| 361 | 977 | 1544 | 2004 | 2467 | 2903 | 6082 | 6661 | 7237 | |
| 362 | 978 | 1545 | 2005 | 2468 | 2904 | 6083 | 6664 | 7238 | |
| 363 | 979 | 1546 | 2006 | 2469 | 2905 | 6084 | 6665 | 7239 | |
| 364 | 980 | 1547 | 2007 | 2470 | 2906 | 6085 | 6666 | 7240 | |
| 365 | 981 | 1548 | 2008 | 2471 | 2907 | 6088 | 6669 | 7242 | |
| 366 | 982 | 1549 | 2009 | 2472 | 2908 | 6089 | 6671 | 7243 | |
| 367 | 983 | 1550 | 2010 | 2473 | 2909 | 6090 | 6672 | 7244 | |

【１３５９】

【表Ｄ６－１０】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 368 | 984 | 1551 | 2011 | 2474 | 2910 | 6091 | 6674 | 7246 | |
| 369 | 985 | 1552 | 2012 | 2476 | 2911 | 6092 | 6675 | 7247 | |
| 370 | 986 | 1553 | 2013 | 2477 | 2912 | 6093 | 6676 | 7250 | |
| 371 | 987 | 1554 | 2014 | 2478 | 2913 | 6094 | 6679 | 7251 | |
| 372 | 988 | 1555 | 2015 | 2479 | 2914 | 6096 | 6680 | 7252 | |
| 373 | 989 | 1556 | 2016 | 2480 | 2915 | 6097 | 6681 | 7253 | |
| 374 | 990 | 1557 | 2017 | 2481 | 2916 | 6099 | 6683 | 7255 | |
| 375 | 991 | 1558 | 2018 | 2482 | 2917 | 6101 | 6684 | 7258 | |
| 376 | 992 | 1559 | 2019 | 2483 | 2918 | 6102 | 6685 | 7260 | |
| 377 | 993 | 1560 | 2020 | 2484 | 2919 | 6103 | 6686 | 7261 | |
| 379 | 994 | 1561 | 2021 | 2485 | 2920 | 6105 | 6687 | 7262 | |
| 380 | 996 | 1563 | 2022 | 2488 | 2921 | 6106 | 6688 | 7263 | |
| 381 | 997 | 1564 | 2023 | 2489 | 2922 | 6107 | 6689 | 7264 | |
| 382 | 999 | 1565 | 2024 | 2490 | 2923 | 6108 | 6690 | 7265 | |
| 383 | 1000 | 1566 | 2025 | 2491 | 2924 | 6109 | 6691 | 7266 | |
| 384 | 1001 | 1567 | 2026 | 2492 | 2925 | 6110 | 6692 | 7267 | |
| 385 | 1003 | 1568 | 2027 | 2497 | 2926 | 6112 | 6693 | 7270 | |
| 386 | 1004 | 1570 | 2028 | 2498 | 2927 | 6115 | 6694 | 7273 | |
| 387 | 1006 | 1571 | 2029 | 2501 | 2928 | 6116 | 6695 | 7274 | |
| 388 | 1007 | 1572 | 2030 | 2502 | 2929 | 6117 | 6698 | 7275 | |
| 389 | 1008 | 1573 | 2031 | 2503 | 2930 | 6118 | 6703 | 7276 | |
| 390 | 1009 | 1574 | 2032 | 2504 | 2931 | 6121 | 6705 | 7278 | |
| 391 | 1010 | 1575 | 2033 | 2505 | 2932 | 6122 | 6706 | 7281 | |
| 392 | 1011 | 1576 | 2034 | 2506 | 2933 | 6123 | 6708 | 7282 | |
| 393 | 1012 | 1577 | 2035 | 2507 | 2934 | 6124 | 6709 | 7284 | |
| 394 | 1013 | 1578 | 2036 | 2508 | 2935 | 6125 | 6713 | 7286 | |
| 395 | 1014 | 1579 | 2037 | 2509 | 2936 | 6129 | 6715 | 7288 | |
| 396 | 1015 | 1580 | 2038 | 2510 | 2937 | 6130 | 6716 | 7289 | |
| 397 | 1016 | 1581 | 2039 | 2511 | 2938 | 6131 | 6717 | 7291 | |
| 398 | 1017 | 1582 | 2040 | 2512 | 2939 | 6133 | 6718 | 7292 | |
| 399 | 1018 | 1583 | 2041 | 2513 | 2940 | 6136 | 6719 | 7293 | |
| 400 | 1019 | 1584 | 2042 | 2514 | 2941 | 6137 | 6720 | 7294 | |
| 401 | 1020 | 1585 | 2043 | 2515 | 2942 | 6138 | 6722 | 7297 | |
| 402 | 1021 | 1587 | 2044 | 2516 | 2943 | 6139 | 6723 | 7298 | |
| 403 | 1022 | 1588 | 2045 | 2517 | 2944 | 6140 | 6724 | 7299 | |
| 404 | 1023 | 1590 | 2046 | 2518 | 2945 | 6141 | 6726 | 7301 | |
| 405 | 1024 | 1592 | 2047 | 2519 | 2946 | 6142 | 6728 | 7302 | |
| 406 | 1025 | 1593 | 2048 | 2520 | 2947 | 6143 | 6730 | 7303 | |
| 407 | 1026 | 1594 | 2049 | 2521 | 2948 | 6144 | 6731 | 7304 | |
| 408 | 1027 | 1597 | 2050 | 2522 | 2949 | 6147 | 6732 | 7305 | |
| 409 | 1028 | 1598 | 2051 | 2523 | 2950 | 6148 | 6733 | 7306 | |

【１３６０】

【表Ｄ６－１１】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 410 | 1029 | 1599 | 2052 | 2524 | 2951 | 6150 | 6734 | 7307 | |
| 413 | 1030 | 1600 | 2053 | 2525 | 2952 | 6151 | 6736 | 7309 | |
| 415 | 1031 | 1604 | 2054 | 2526 | 2953 | 6152 | 6738 | 7311 | |
| 416 | 1032 | 1605 | 2055 | 2527 | 2954 | 6153 | 6739 | 7312 | |
| 419 | 1033 | 1606 | 2056 | 2528 | 2955 | 6154 | 6740 | 7313 | |
| 420 | 1034 | 1607 | 2057 | 2529 | 2957 | 6155 | 6741 | 7315 | |
| 421 | 1035 | 1608 | 2058 | 2530 | 2958 | 6157 | 6743 | 7317 | |
| 424 | 1036 | 1610 | 2059 | 2531 | 2959 | 6158 | 6744 | 7320 | |
| 426 | 1037 | 1611 | 2060 | 2532 | 2960 | 6159 | 6745 | 7322 | |
| 427 | 1038 | 1612 | 2061 | 2533 | 2962 | 6160 | 6746 | 7323 | |
| 428 | 1039 | 1616 | 2062 | 2534 | 2965 | 6164 | 6747 | 7326 | |
| 429 | 1040 | 1617 | 2063 | 2535 | 2966 | 6165 | 6750 | 7327 | |
| 432 | 1041 | 1618 | 2064 | 2536 | 2967 | 6167 | 6751 | 7328 | |
| 433 | 1042 | 1619 | 2066 | 2537 | 2968 | 6168 | 6752 | 7329 | |
| 437 | 1043 | 1620 | 2069 | 2538 | 2969 | 6169 | 6754 | 7331 | |
| 438 | 1044 | 1621 | 2070 | 2539 | 2971 | 6171 | 6756 | 7332 | |
| 441 | 1045 | 1622 | 2071 | 2540 | 2972 | 6172 | 6757 | 7335 | |
| 443 | 1046 | 1623 | 2072 | 2541 | 2973 | 6173 | 6758 | 7336 | |
| 446 | 1047 | 1624 | 2074 | 2542 | 2974 | 6174 | 6760 | 7337 | |
| 449 | 1048 | 1625 | 2075 | 2543 | 2975 | 6175 | 6761 | 7339 | |
| 450 | 1049 | 1626 | 2076 | 2544 | 2976 | 6176 | 6762 | 7340 | |
| 452 | 1050 | 1627 | 2079 | 2545 | 2978 | 6177 | 6764 | 7342 | |
| 460 | 1051 | 1628 | 2080 | 2546 | 2979 | 6178 | 6765 | 7343 | |
| 461 | 1052 | 1629 | 2081 | 2547 | 2981 | 6179 | 6771 | 7344 | |
| 462 | 1053 | 1630 | 2082 | 2548 | 2982 | 6180 | 6772 | 7345 | |
| 464 | 1054 | 1631 | 2084 | 2549 | 2983 | 6181 | 6773 | 7346 | |
| 465 | 1055 | 1632 | 2085 | 2550 | 2984 | 6182 | 6774 | 7347 | |
| 469 | 1056 | 1633 | 2086 | 2551 | 2985 | 6183 | 6775 | 7348 | |
| 470 | 1057 | 1634 | 2089 | 2552 | 2986 | 6184 | 6776 | 7349 | |
| 472 | 1058 | 1635 | 2090 | 2553 | 2987 | 6185 | 6777 | 7350 | |
| 475 | 1059 | 1636 | 2091 | 2554 | 2988 | 6186 | 6778 | 7351 | |
| 476 | 1060 | 1637 | 2092 | 2555 | 2989 | 6187 | 6779 | 7352 | |
| 480 | 1061 | 1638 | 2093 | 2556 | 2990 | 6188 | 6780 | 7354 | |
| 481 | 1062 | 1639 | 2094 | 2557 | 2991 | 6189 | 6781 | 7357 | |
| 483 | 1063 | 1640 | 2095 | 2558 | 2992 | 6190 | 6782 | 7358 | |
| 484 | 1064 | 1641 | 2096 | 2559 | 2993 | 6191 | 6783 | 7360 | |

【１３６１】

細胞型及び試験鋳型交絡因子を用いずに選択された候補の再現性を特性決定するために、２つの更なる完全な実験レプリケートを、上記で詳述される同じ実験手順に従って、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ４条件（本明細書における条件１ｂ及び１ｃ；元の条件１は、以後、条件１ａになった）について実行した。３つの条件１レプリケートの分析は、レプリケート１ａ、１ｂ、及び１ｃの全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約２６０の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの全ての条件１レプリケートにおいて再現性のある編集活性を有していたことを示す。これらは、以下の表Ｄ７に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３６２】
【表Ｄ７】
表D7. レプリケート1a、1b、及び1cの全てにわたって少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 156 | 1376 | 2320 | 2678 | 2927 | 4511 | 6760 |
| 300 | 1401 | 2324 | 2700 | 2929 | 4512 | 6761 |
| 317 | 1423 | 2327 | 2701 | 2930 | 4513 | 6783 |
| 346 | 1441 | 2329 | 2711 | 2933 | 4514 | 6788 |
| 352 | 1553 | 2331 | 2712 | 2937 | 4515 | 6876 |
| 591 | 1860 | 2332 | 2737 | 2953 | 4516 | 6883 |
| 647 | 1863 | 2333 | 2741 | 2957 | 4517 | 6998 |
| 801 | 1867 | 2338 | 2748 | 2972 | 4518 | 7067 |
| 871 | 1871 | 2343 | 2760 | 2983 | 4520 | 7103 |
| 898 | 1874 | 2345 | 2772 | 2995 | 4522 | 7121 |
| 933 | 1875 | 2359 | 2780 | 3007 | 4523 | 7142 |
| 1007 | 1876 | 2360 | 2781 | 3039 | 4524 | 7154 |
| 1008 | 1939 | 2370 | 2784 | 3044 | 4525 | 7242 |
| 1009 | 1943 | 2382 | 2786 | 3045 | 4526 | 7262 |
| 1011 | 1949 | 2400 | 2787 | 3057 | 4527 | 7267 |
| 1018 | 1951 | 2405 | 2788 | 3063 | 4528 | 7293 |
| 1021 | 1967 | 2510 | 2790 | 3065 | 4529 | 7335 |
| 1029 | 2060 | 2514 | 2791 | 3067 | 4530 | 7443 |
| 1033 | 2086 | 2527 | 2795 | 3076 | 4531 | 7476 |
| 1034 | 2092 | 2529 | 2797 | 3079 | 4533 | 7496 |
| 1037 | 2094 | 2535 | 2800 | 3083 | 4534 | 7509 |
| 1039 | 2104 | 2536 | 2810 | 3084 | 4535 | 7555 |
| 1044 | 2112 | 2539 | 2815 | 3085 | 4536 | 7587 |
| 1046 | 2114 | 2550 | 2820 | 3093 | 4537 | 7588 |
| 1047 | 2117 | 2553 | 2823 | 3096 | 4538 | 7660 |
| 1052 | 2132 | 2573 | 2825 | 3099 | 4539 | 7667 |
| 1056 | 2145 | 2583 | 2826 | 3103 | 4540 | |
| 1059 | 2148 | 2599 | 2830 | 3107 | 4541 | |
| 1060 | 2149 | 2610 | 2835 | 3111 | 6030 | |
| 1076 | 2161 | 2615 | 2836 | 3123 | 6073 | |
| 1083 | 2165 | 2620 | 2850 | 4501 | 6091 | |
| 1093 | 2172 | 2631 | 2880 | 4502 | 6181 | |
| 1197 | 2174 | 2634 | 2881 | 4503 | 6402 | |
| 1198 | 2196 | 2636 | 2888 | 4504 | 6434 | |
| 1219 | 2249 | 2644 | 2893 | 4506 | 6505 | |
| 1242 | 2280 | 2654 | 2903 | 4507 | 6567 | |
| 1262 | 2301 | 2656 | 2913 | 4508 | 6568 | |
| 1372 | 2311 | 2657 | 2914 | 4509 | 6591 | |
| 1373 | 2313 | 2660 | 2916 | 4510 | 6738 | |

【１３６３】
ライブラリー内の約３０７０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、この更なる分析を用いて、条件１ａ、１ｂ、又は１ｃのいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの条件１の少なくとも１つのレプリケートにおいて編集活性を有していたことを示す。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ８に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３６４】

【表Ｄ８－１】

表D8. 条件1a、1b、又は1cのいずれか1つにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 731 | 1242 | 1882 | 2326 | 2690 | 3059 | 6301 | 6729 | 7174 | 7620 |
| 34 | 746 | 1243 | 1883 | 2327 | 2691 | 3060 | 6303 | 6730 | 7176 | 7621 |
| 35 | 765 | 1244 | 1884 | 2328 | 2692 | 3061 | 6304 | 6731 | 7178 | 7623 |
| 36 | 770 | 1245 | 1885 | 2329 | 2695 | 3062 | 6305 | 6732 | 7179 | 7625 |
| 37 | 772 | 1246 | 1886 | 2330 | 2697 | 3063 | 6307 | 6733 | 7180 | 7626 |
| 38 | 777 | 1247 | 1887 | 2331 | 2699 | 3064 | 6308 | 6734 | 7182 | 7627 |
| 39 | 780 | 1250 | 1889 | 2332 | 2700 | 3065 | 6310 | 6735 | 7183 | 7629 |
| 40 | 799 | 1253 | 1890 | 2333 | 2701 | 3066 | 6311 | 6737 | 7184 | 7630 |
| 45 | 800 | 1254 | 1891 | 2334 | 2702 | 3067 | 6312 | 6738 | 7185 | 7632 |
| 46 | 801 | 1255 | 1892 | 2335 | 2703 | 3068 | 6313 | 6742 | 7186 | 7633 |
| 47 | 802 | 1256 | 1893 | 2336 | 2711 | 3069 | 6314 | 6744 | 7187 | 7634 |
| 48 | 803 | 1257 | 1894 | 2337 | 2712 | 3070 | 6315 | 6746 | 7190 | 7635 |
| 49 | 804 | 1258 | 1896 | 2338 | 2713 | 3071 | 6316 | 6748 | 7191 | 7636 |
| 50 | 805 | 1259 | 1898 | 2339 | 2714 | 3072 | 6317 | 6749 | 7192 | 7637 |
| 51 | 806 | 1260 | 1899 | 2340 | 2715 | 3073 | 6320 | 6751 | 7194 | 7638 |
| 52 | 807 | 1261 | 1900 | 2341 | 2716 | 3074 | 6322 | 6752 | 7195 | 7639 |

【１３６５】

【表Ｄ８－２】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 55 | 808 | 1262 | 1901 | 2342 | 2717 | 3075 | 6324 | 6753 | 7196 | 7640 |
| 56 | 809 | 1263 | 1903 | 2343 | 2718 | 3076 | 6325 | 6754 | 7197 | 7641 |
| 57 | 811 | 1264 | 1905 | 2344 | 2719 | 3077 | 6327 | 6755 | 7198 | 7642 |
| 59 | 812 | 1265 | 1906 | 2345 | 2720 | 3078 | 6328 | 6758 | 7199 | 7643 |
| 61 | 813 | 1266 | 1907 | 2346 | 2721 | 3079 | 6329 | 6759 | 7200 | 7644 |
| 62 | 814 | 1267 | 1908 | 2347 | 2722 | 3080 | 6330 | 6760 | 7201 | 7646 |
| 63 | 817 | 1268 | 1909 | 2348 | 2723 | 3081 | 6332 | 6761 | 7202 | 7647 |
| 64 | 818 | 1269 | 1912 | 2349 | 2724 | 3082 | 6333 | 6763 | 7203 | 7648 |
| 65 | 819 | 1270 | 1913 | 2350 | 2726 | 3083 | 6336 | 6765 | 7204 | 7649 |
| 67 | 820 | 1272 | 1915 | 2351 | 2727 | 3084 | 6339 | 6766 | 7206 | 7650 |
| 68 | 821 | 1273 | 1916 | 2352 | 2728 | 3085 | 6340 | 6767 | 7209 | 7651 |
| 69 | 824 | 1274 | 1917 | 2353 | 2729 | 3086 | 6341 | 6768 | 7211 | 7653 |
| 70 | 825 | 1276 | 1918 | 2354 | 2730 | 3087 | 6342 | 6769 | 7212 | 7654 |
| 71 | 827 | 1278 | 1920 | 2355 | 2731 | 3088 | 6343 | 6772 | 7213 | 7655 |
| 72 | 828 | 1279 | 1921 | 2356 | 2732 | 3090 | 6344 | 6773 | 7216 | 7656 |
| 76 | 829 | 1281 | 1922 | 2357 | 2734 | 3091 | 6348 | 6774 | 7219 | 7658 |
| 78 | 830 | 1288 | 1923 | 2358 | 2736 | 3093 | 6349 | 6776 | 7222 | 7660 |
| 79 | 833 | 1298 | 1924 | 2359 | 2737 | 3094 | 6351 | 6777 | 7224 | 7661 |
| 81 | 834 | 1311 | 1925 | 2360 | 2739 | 3095 | 6352 | 6778 | 7225 | 7662 |
| 83 | 835 | 1319 | 1926 | 2361 | 2740 | 3096 | 6354 | 6780 | 7226 | 7664 |
| 85 | 836 | 1330 | 1927 | 2362 | 2741 | 3097 | 6355 | 6781 | 7227 | 7665 |
| 86 | 837 | 1343 | 1929 | 2363 | 2742 | 3098 | 6356 | 6782 | 7229 | 7666 |
| 88 | 839 | 1346 | 1932 | 2364 | 2743 | 3099 | 6357 | 6783 | 7230 | 7667 |
| 89 | 843 | 1348 | 1934 | 2365 | 2744 | 3100 | 6359 | 6784 | 7232 | 7670 |
| 90 | 844 | 1353 | 1935 | 2366 | 2745 | 3101 | 6360 | 6785 | 7234 | 7671 |
| 93 | 847 | 1354 | 1936 | 2367 | 2746 | 3102 | 6361 | 6786 | 7235 | 7672 |
| 94 | 848 | 1370 | 1937 | 2368 | 2747 | 3103 | 6362 | 6788 | 7240 | 7673 |
| 96 | 849 | 1371 | 1938 | 2369 | 2748 | 3104 | 6363 | 6789 | 7241 | 7675 |
| 97 | 850 | 1372 | 1939 | 2370 | 2750 | 3105 | 6364 | 6790 | 7242 | 7676 |
| 100 | 851 | 1373 | 1940 | 2371 | 2751 | 3106 | 6365 | 6793 | 7244 | 7678 |
| 103 | 852 | 1374 | 1941 | 2372 | 2753 | 3107 | 6366 | 6796 | 7245 | 7679 |
| 106 | 853 | 1375 | 1942 | 2373 | 2754 | 3108 | 6367 | 6797 | 7246 | 7680 |
| 108 | 854 | 1376 | 1943 | 2374 | 2755 | 3109 | 6368 | 6798 | 7248 | 7682 |
| 110 | 861 | 1377 | 1944 | 2375 | 2758 | 3110 | 6370 | 6801 | 7249 | 7683 |
| 111 | 862 | 1379 | 1945 | 2376 | 2760 | 3111 | 6371 | 6802 | 7250 | 7684 |
| 114 | 863 | 1380 | 1946 | 2377 | 2761 | 3112 | 6372 | 6803 | 7253 | 7687 |
| 115 | 866 | 1381 | 1947 | 2378 | 2764 | 3113 | 6373 | 6804 | 7254 | 7688 |
| 116 | 867 | 1383 | 1948 | 2379 | 2768 | 3114 | 6374 | 6808 | 7256 | 7689 |
| 117 | 870 | 1384 | 1949 | 2380 | 2769 | 3116 | 6375 | 6809 | 7257 | 7690 |
| 118 | 871 | 1385 | 1950 | 2381 | 2772 | 3117 | 6376 | 6810 | 7258 | 7691 |
| 119 | 872 | 1386 | 1951 | 2382 | 2773 | 3118 | 6377 | 6811 | 7259 | 7692 |

【１３６６】

【表Ｄ８－３】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 120 | 873 | 1387 | 1952 | 2383 | 2775 | 3119 | 6380 | 6812 | 7260 | 7693 |
| 121 | 874 | 1388 | 1953 | 2384 | 2776 | 3120 | 6381 | 6813 | 7261 | 7694 |
| 122 | 876 | 1389 | 1954 | 2385 | 2777 | 3121 | 6382 | 6815 | 7262 | 7695 |
| 123 | 877 | 1390 | 1955 | 2386 | 2780 | 3122 | 6383 | 6816 | 7263 | 7696 |
| 124 | 878 | 1391 | 1956 | 2387 | 2781 | 3123 | 6385 | 6817 | 7264 | 7697 |
| 125 | 879 | 1393 | 1957 | 2388 | 2782 | 3124 | 6386 | 6818 | 7266 | 7698 |
| 126 | 880 | 1394 | 1958 | 2389 | 2783 | 3125 | 6387 | 6819 | 7267 | 7699 |
| 127 | 881 | 1395 | 1959 | 2390 | 2784 | 3126 | 6388 | 6820 | 7268 | 7701 |
| 130 | 883 | 1396 | 1960 | 2391 | 2785 | 3127 | 6390 | 6821 | 7269 | 7702 |
| 131 | 884 | 1397 | 1961 | 2392 | 2786 | 3128 | 6391 | 6822 | 7271 | 7703 |
| 134 | 885 | 1398 | 1962 | 2393 | 2787 | 3129 | 6392 | 6825 | 7272 | 7704 |
| 137 | 886 | 1399 | 1964 | 2394 | 2788 | 3130 | 6394 | 6828 | 7273 | 7706 |
| 138 | 887 | 1400 | 1965 | 2395 | 2789 | 3131 | 6395 | 6829 | 7274 | 7707 |
| 139 | 888 | 1401 | 1966 | 2396 | 2790 | 3133 | 6402 | 6831 | 7275 | 7709 |
| 143 | 890 | 1402 | 1967 | 2397 | 2791 | 3134 | 6405 | 6833 | 7276 | 7710 |
| 144 | 891 | 1403 | 1968 | 2398 | 2792 | 3135 | 6407 | 6835 | 7277 | 7711 |
| 145 | 892 | 1404 | 1969 | 2399 | 2793 | 3136 | 6408 | 6837 | 7279 | 7712 |
| 146 | 893 | 1405 | 1970 | 2400 | 2794 | 3194 | 6409 | 6839 | 7281 | 7716 |
| 147 | 894 | 1406 | 1972 | 2401 | 2795 | 3231 | 6410 | 6840 | 7282 | 7717 |
| 150 | 897 | 1408 | 1973 | 2402 | 2796 | 3317 | 6412 | 6844 | 7283 | 7719 |
| 153 | 898 | 1409 | 1974 | 2403 | 2797 | 4501 | 6413 | 6845 | 7284 | 7725 |
| 154 | 899 | 1410 | 1975 | 2404 | 2798 | 4502 | 6414 | 6846 | 7285 | 7728 |
| 156 | 900 | 1411 | 1976 | 2405 | 2799 | 4503 | 6416 | 6847 | 7286 | 7730 |
| 157 | 901 | 1412 | 1977 | 2406 | 2800 | 4504 | 6417 | 6850 | 7287 | 7736 |
| 158 | 902 | 1414 | 1978 | 2407 | 2801 | 4505 | 6419 | 6852 | 7291 | 7740 |
| 159 | 903 | 1415 | 1979 | 2408 | 2802 | 4506 | 6421 | 6855 | 7292 | 7742 |
| 160 | 905 | 1416 | 1980 | 2409 | 2803 | 4507 | 6422 | 6856 | 7293 | 7743 |
| 161 | 907 | 1417 | 1981 | 2410 | 2804 | 4508 | 6424 | 6858 | 7294 | |
| 162 | 908 | 1418 | 1982 | 2412 | 2805 | 4509 | 6425 | 6859 | 7295 | |
| 163 | 909 | 1419 | 1983 | 2413 | 2806 | 4510 | 6426 | 6861 | 7298 | |
| 164 | 910 | 1420 | 1984 | 2414 | 2807 | 4511 | 6428 | 6862 | 7299 | |
| 165 | 912 | 1422 | 1985 | 2415 | 2808 | 4512 | 6429 | 6863 | 7300 | |
| 167 | 914 | 1423 | 1986 | 2416 | 2809 | 4513 | 6430 | 6864 | 7301 | |
| 168 | 915 | 1424 | 1987 | 2440 | 2810 | 4514 | 6431 | 6866 | 7302 | |
| 170 | 916 | 1425 | 1988 | 2443 | 2811 | 4515 | 6432 | 6867 | 7303 | |
| 171 | 917 | 1426 | 1989 | 2444 | 2812 | 4516 | 6434 | 6868 | 7305 | |
| 172 | 918 | 1427 | 1990 | 2447 | 2813 | 4517 | 6436 | 6869 | 7306 | |
| 174 | 919 | 1428 | 1991 | 2448 | 2814 | 4518 | 6438 | 6870 | 7308 | |
| 176 | 920 | 1430 | 1992 | 2449 | 2815 | 4519 | 6439 | 6872 | 7309 | |
| 177 | 921 | 1433 | 1993 | 2451 | 2816 | 4520 | 6440 | 6874 | 7310 | |
| 180 | 922 | 1434 | 1994 | 2452 | 2817 | 4521 | 6441 | 6875 | 7311 | |

【１３６７】

【表Ｄ８－４】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 181 | 923 | 1437 | 1995 | 2453 | 2818 | 4522 | 6443 | 6876 | 7312 | |
| 182 | 924 | 1439 | 1996 | 2454 | 2820 | 4523 | 6444 | 6878 | 7313 | |
| 184 | 925 | 1440 | 1998 | 2455 | 2821 | 4524 | 6445 | 6883 | 7316 | |
| 190 | 928 | 1441 | 1999 | 2456 | 2822 | 4525 | 6447 | 6885 | 7317 | |
| 191 | 929 | 1442 | 2000 | 2457 | 2823 | 4526 | 6450 | 6886 | 7318 | |
| 192 | 933 | 1443 | 2002 | 2458 | 2824 | 4527 | 6452 | 6888 | 7319 | |
| 195 | 934 | 1444 | 2003 | 2459 | 2825 | 4528 | 6455 | 6889 | 7320 | |
| 196 | 935 | 1445 | 2004 | 2460 | 2826 | 4529 | 6458 | 6890 | 7321 | |
| 199 | 936 | 1446 | 2006 | 2461 | 2827 | 4530 | 6464 | 6891 | 7322 | |
| 200 | 938 | 1447 | 2009 | 2462 | 2828 | 4531 | 6465 | 6892 | 7323 | |
| 203 | 940 | 1448 | 2010 | 2465 | 2829 | 4532 | 6466 | 6896 | 7324 | |
| 204 | 942 | 1454 | 2011 | 2466 | 2830 | 4533 | 6467 | 6897 | 7325 | |
| 206 | 943 | 1460 | 2012 | 2467 | 2831 | 4534 | 6468 | 6898 | 7326 | |
| 208 | 944 | 1465 | 2013 | 2469 | 2832 | 4535 | 6469 | 6902 | 7329 | |
| 209 | 946 | 1469 | 2014 | 2470 | 2833 | 4536 | 6470 | 6906 | 7330 | |
| 210 | 947 | 1475 | 2016 | 2471 | 2834 | 4537 | 6471 | 6908 | 7333 | |
| 213 | 948 | 1504 | 2017 | 2480 | 2835 | 4538 | 6472 | 6909 | 7334 | |
| 215 | 951 | 1542 | 2018 | 2481 | 2836 | 4539 | 6476 | 6910 | 7335 | |
| 216 | 959 | 1543 | 2020 | 2483 | 2837 | 4540 | 6477 | 6911 | 7336 | |
| 217 | 960 | 1544 | 2023 | 2485 | 2838 | 4541 | 6478 | 6912 | 7338 | |
| 218 | 961 | 1546 | 2024 | 2486 | 2839 | 6001 | 6479 | 6914 | 7339 | |
| 219 | 962 | 1547 | 2025 | 2488 | 2840 | 6002 | 6480 | 6915 | 7341 | |
| 220 | 963 | 1549 | 2027 | 2489 | 2841 | 6003 | 6481 | 6916 | 7342 | |
| 222 | 964 | 1550 | 2028 | 2496 | 2842 | 6005 | 6482 | 6919 | 7343 | |
| 223 | 965 | 1552 | 2029 | 2502 | 2843 | 6008 | 6483 | 6920 | 7345 | |
| 224 | 966 | 1553 | 2030 | 2503 | 2844 | 6009 | 6485 | 6922 | 7346 | |
| 225 | 967 | 1556 | 2031 | 2504 | 2845 | 6010 | 6486 | 6923 | 7348 | |
| 226 | 968 | 1565 | 2033 | 2505 | 2846 | 6012 | 6487 | 6924 | 7349 | |
| 227 | 969 | 1566 | 2034 | 2506 | 2847 | 6013 | 6488 | 6925 | 7351 | |
| 229 | 970 | 1567 | 2035 | 2507 | 2848 | 6014 | 6489 | 6926 | 7352 | |
| 231 | 971 | 1568 | 2036 | 2508 | 2849 | 6016 | 6491 | 6927 | 7353 | |
| 232 | 972 | 1570 | 2037 | 2509 | 2850 | 6020 | 6493 | 6928 | 7355 | |
| 234 | 975 | 1573 | 2041 | 2510 | 2851 | 6022 | 6494 | 6930 | 7356 | |
| 236 | 976 | 1576 | 2043 | 2511 | 2852 | 6027 | 6498 | 6931 | 7357 | |
| 237 | 977 | 1577 | 2045 | 2512 | 2853 | 6028 | 6499 | 6933 | 7358 | |
| 238 | 978 | 1579 | 2047 | 2513 | 2854 | 6029 | 6500 | 6935 | 7359 | |
| 239 | 979 | 1580 | 2048 | 2514 | 2856 | 6030 | 6501 | 6936 | 7360 | |
| 240 | 980 | 1584 | 2050 | 2515 | 2857 | 6032 | 6502 | 6937 | 7363 | |
| 241 | 981 | 1585 | 2051 | 2516 | 2858 | 6034 | 6503 | 6938 | 7364 | |
| 248 | 982 | 1588 | 2052 | 2517 | 2859 | 6036 | 6504 | 6939 | 7365 | |
| 252 | 983 | 1590 | 2055 | 2518 | 2860 | 6037 | 6505 | 6940 | 7366 | |

【１３６８】

【表Ｄ８－５】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 253 | 985 | 1593 | 2060 | 2519 | 2861 | 6038 | 6508 | 6941 | 7367 | |
| 254 | 986 | 1595 | 2071 | 2520 | 2862 | 6039 | 6509 | 6942 | 7368 | |
| 255 | 987 | 1596 | 2072 | 2521 | 2863 | 6041 | 6511 | 6943 | 7369 | |
| 257 | 988 | 1599 | 2084 | 2522 | 2864 | 6042 | 6512 | 6945 | 7370 | |
| 258 | 989 | 1616 | 2086 | 2523 | 2865 | 6043 | 6513 | 6946 | 7371 | |
| 259 | 990 | 1617 | 2087 | 2524 | 2866 | 6044 | 6514 | 6948 | 7372 | |
| 260 | 993 | 1618 | 2088 | 2525 | 2867 | 6045 | 6515 | 6949 | 7373 | |
| 261 | 994 | 1619 | 2089 | 2526 | 2868 | 6047 | 6516 | 6952 | 7376 | |
| 262 | 995 | 1620 | 2091 | 2527 | 2869 | 6048 | 6517 | 6954 | 7378 | |
| 265 | 996 | 1621 | 2092 | 2528 | 2870 | 6049 | 6518 | 6955 | 7381 | |
| 266 | 998 | 1622 | 2093 | 2529 | 2871 | 6052 | 6519 | 6956 | 7384 | |
| 267 | 999 | 1625 | 2094 | 2530 | 2872 | 6053 | 6521 | 6957 | 7385 | |
| 268 | 1001 | 1628 | 2096 | 2531 | 2873 | 6054 | 6522 | 6958 | 7387 | |
| 269 | 1002 | 1629 | 2100 | 2532 | 2874 | 6057 | 6523 | 6959 | 7389 | |
| 270 | 1003 | 1632 | 2101 | 2533 | 2875 | 6059 | 6524 | 6960 | 7393 | |
| 271 | 1005 | 1633 | 2102 | 2534 | 2877 | 6062 | 6525 | 6961 | 7394 | |
| 272 | 1006 | 1634 | 2103 | 2535 | 2878 | 6063 | 6526 | 6963 | 7395 | |
| 273 | 1007 | 1635 | 2104 | 2536 | 2880 | 6065 | 6527 | 6964 | 7397 | |
| 283 | 1008 | 1636 | 2107 | 2537 | 2881 | 6067 | 6528 | 6966 | 7399 | |
| 284 | 1009 | 1638 | 2108 | 2538 | 2882 | 6070 | 6530 | 6967 | 7400 | |
| 286 | 1010 | 1639 | 2109 | 2539 | 2883 | 6071 | 6531 | 6968 | 7401 | |
| 287 | 1011 | 1640 | 2111 | 2540 | 2884 | 6073 | 6532 | 6969 | 7402 | |
| 288 | 1012 | 1644 | 2112 | 2541 | 2885 | 6074 | 6534 | 6973 | 7403 | |
| 292 | 1014 | 1646 | 2114 | 2542 | 2886 | 6077 | 6536 | 6975 | 7405 | |
| 295 | 1015 | 1652 | 2115 | 2543 | 2887 | 6078 | 6537 | 6977 | 7407 | |
| 297 | 1016 | 1655 | 2116 | 2544 | 2888 | 6079 | 6539 | 6979 | 7408 | |
| 298 | 1017 | 1659 | 2117 | 2545 | 2890 | 6082 | 6540 | 6980 | 7410 | |
| 300 | 1018 | 1660 | 2121 | 2546 | 2891 | 6083 | 6542 | 6981 | 7411 | |
| 301 | 1019 | 1662 | 2124 | 2547 | 2893 | 6084 | 6543 | 6982 | 7412 | |
| 302 | 1020 | 1663 | 2125 | 2548 | 2894 | 6086 | 6546 | 6983 | 7416 | |
| 304 | 1021 | 1664 | 2126 | 2549 | 2895 | 6087 | 6549 | 6985 | 7417 | |
| 305 | 1022 | 1665 | 2128 | 2550 | 2896 | 6091 | 6550 | 6986 | 7418 | |
| 306 | 1023 | 1666 | 2131 | 2551 | 2897 | 6093 | 6551 | 6987 | 7421 | |
| 307 | 1024 | 1667 | 2132 | 2552 | 2898 | 6095 | 6552 | 6988 | 7422 | |
| 309 | 1025 | 1669 | 2133 | 2553 | 2899 | 6097 | 6553 | 6989 | 7423 | |
| 310 | 1027 | 1670 | 2135 | 2554 | 2900 | 6098 | 6555 | 6990 | 7424 | |
| 312 | 1028 | 1671 | 2136 | 2555 | 2901 | 6100 | 6556 | 6991 | 7425 | |
| 313 | 1029 | 1672 | 2137 | 2556 | 2903 | 6104 | 6558 | 6992 | 7429 | |
| 314 | 1030 | 1673 | 2142 | 2557 | 2904 | 6105 | 6559 | 6993 | 7430 | |
| 315 | 1031 | 1675 | 2143 | 2558 | 2905 | 6106 | 6560 | 6994 | 7433 | |
| 317 | 1032 | 1679 | 2144 | 2559 | 2906 | 6108 | 6561 | 6995 | 7435 | |

【１３６９】

【表Ｄ８－６】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 318 | 1033 | 1680 | 2145 | 2560 | 2907 | 6111 | 6562 | 6997 | 7436 | |
| 319 | 1034 | 1681 | 2146 | 2561 | 2908 | 6113 | 6564 | 6998 | 7437 | |
| 320 | 1035 | 1682 | 2147 | 2562 | 2909 | 6114 | 6566 | 7000 | 7439 | |
| 321 | 1037 | 1686 | 2148 | 2563 | 2911 | 6115 | 6567 | 7003 | 7440 | |
| 322 | 1038 | 1687 | 2149 | 2564 | 2912 | 6117 | 6568 | 7005 | 7443 | |
| 323 | 1039 | 1688 | 2153 | 2565 | 2913 | 6118 | 6570 | 7008 | 7444 | |
| 324 | 1040 | 1689 | 2157 | 2566 | 2914 | 6119 | 6571 | 7009 | 7447 | |
| 326 | 1041 | 1690 | 2158 | 2567 | 2916 | 6120 | 6572 | 7010 | 7453 | |
| 328 | 1042 | 1691 | 2159 | 2568 | 2917 | 6121 | 6574 | 7011 | 7454 | |
| 329 | 1043 | 1694 | 2160 | 2569 | 2918 | 6123 | 6575 | 7012 | 7456 | |
| 330 | 1044 | 1695 | 2161 | 2570 | 2919 | 6126 | 6576 | 7013 | 7459 | |
| 331 | 1045 | 1698 | 2165 | 2571 | 2920 | 6127 | 6578 | 7014 | 7460 | |
| 332 | 1046 | 1699 | 2166 | 2572 | 2921 | 6128 | 6579 | 7015 | 7462 | |
| 334 | 1047 | 1700 | 2167 | 2573 | 2922 | 6129 | 6581 | 7017 | 7463 | |
| 335 | 1049 | 1701 | 2168 | 2574 | 2924 | 6130 | 6582 | 7018 | 7465 | |
| 336 | 1050 | 1702 | 2169 | 2575 | 2925 | 6132 | 6584 | 7019 | 7468 | |
| 337 | 1051 | 1704 | 2171 | 2576 | 2926 | 6133 | 6585 | 7022 | 7469 | |
| 339 | 1052 | 1705 | 2172 | 2577 | 2927 | 6134 | 6587 | 7023 | 7470 | |
| 343 | 1053 | 1706 | 2174 | 2578 | 2928 | 6135 | 6588 | 7024 | 7473 | |
| 344 | 1054 | 1707 | 2175 | 2579 | 2929 | 6141 | 6591 | 7029 | 7474 | |
| 345 | 1055 | 1708 | 2176 | 2580 | 2930 | 6142 | 6592 | 7031 | 7476 | |
| 346 | 1056 | 1709 | 2177 | 2582 | 2931 | 6143 | 6594 | 7032 | 7477 | |
| 347 | 1057 | 1711 | 2178 | 2583 | 2932 | 6144 | 6595 | 7033 | 7478 | |
| 348 | 1058 | 1713 | 2179 | 2584 | 2933 | 6145 | 6599 | 7036 | 7480 | |
| 350 | 1059 | 1714 | 2180 | 2585 | 2935 | 6146 | 6601 | 7038 | 7481 | |
| 351 | 1060 | 1716 | 2187 | 2586 | 2936 | 6147 | 6603 | 7039 | 7482 | |
| 352 | 1061 | 1717 | 2189 | 2587 | 2937 | 6148 | 6604 | 7041 | 7485 | |
| 354 | 1062 | 1719 | 2192 | 2588 | 2938 | 6149 | 6607 | 7042 | 7486 | |
| 355 | 1063 | 1720 | 2193 | 2589 | 2940 | 6150 | 6609 | 7044 | 7487 | |
| 356 | 1064 | 1721 | 2194 | 2590 | 2942 | 6151 | 6610 | 7045 | 7488 | |
| 357 | 1065 | 1722 | 2196 | 2591 | 2943 | 6152 | 6613 | 7046 | 7490 | |
| 360 | 1066 | 1724 | 2199 | 2592 | 2944 | 6155 | 6615 | 7047 | 7493 | |
| 361 | 1068 | 1726 | 2201 | 2593 | 2945 | 6156 | 6617 | 7050 | 7496 | |
| 362 | 1069 | 1727 | 2204 | 2594 | 2948 | 6161 | 6618 | 7051 | 7497 | |
| 363 | 1070 | 1733 | 2208 | 2595 | 2949 | 6162 | 6619 | 7054 | 7498 | |
| 364 | 1071 | 1734 | 2209 | 2596 | 2950 | 6166 | 6620 | 7055 | 7499 | |
| 366 | 1072 | 1735 | 2213 | 2598 | 2951 | 6169 | 6621 | 7057 | 7500 | |
| 368 | 1074 | 1736 | 2214 | 2599 | 2952 | 6170 | 6622 | 7058 | 7504 | |
| 369 | 1075 | 1737 | 2215 | 2600 | 2953 | 6171 | 6623 | 7059 | 7506 | |
| 370 | 1076 | 1738 | 2220 | 2601 | 2954 | 6175 | 6624 | 7060 | 7507 | |
| 372 | 1077 | 1740 | 2222 | 2602 | 2955 | 6176 | 6625 | 7061 | 7508 | |

【１３７０】

【表Ｄ８－７】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 374 | 1078 | 1741 | 2223 | 2603 | 2957 | 6177 | 6626 | 7062 | 7509 | |
| 375 | 1079 | 1742 | 2224 | 2605 | 2965 | 6180 | 6627 | 7064 | 7510 | |
| 376 | 1080 | 1743 | 2225 | 2606 | 2966 | 6181 | 6630 | 7065 | 7513 | |
| 377 | 1081 | 1744 | 2226 | 2607 | 2967 | 6182 | 6631 | 7066 | 7516 | |
| 382 | 1082 | 1746 | 2227 | 2608 | 2969 | 6183 | 6632 | 7067 | 7519 | |
| 384 | 1083 | 1747 | 2228 | 2610 | 2970 | 6189 | 6633 | 7068 | 7520 | |
| 386 | 1084 | 1748 | 2230 | 2611 | 2971 | 6190 | 6634 | 7069 | 7522 | |
| 388 | 1085 | 1751 | 2231 | 2612 | 2972 | 6194 | 6636 | 7070 | 7523 | |
| 389 | 1086 | 1752 | 2232 | 2614 | 2973 | 6196 | 6638 | 7072 | 7524 | |
| 390 | 1088 | 1754 | 2233 | 2615 | 2974 | 6198 | 6639 | 7073 | 7525 | |
| 391 | 1089 | 1756 | 2235 | 2616 | 2975 | 6199 | 6640 | 7075 | 7526 | |
| 392 | 1091 | 1759 | 2236 | 2617 | 2976 | 6200 | 6641 | 7076 | 7530 | |
| 393 | 1092 | 1764 | 2237 | 2618 | 2977 | 6202 | 6642 | 7079 | 7531 | |
| 394 | 1093 | 1765 | 2239 | 2619 | 2978 | 6203 | 6643 | 7080 | 7532 | |
| 395 | 1096 | 1767 | 2241 | 2620 | 2981 | 6205 | 6644 | 7082 | 7533 | |
| 397 | 1115 | 1768 | 2243 | 2621 | 2982 | 6206 | 6645 | 7084 | 7535 | |
| 398 | 1116 | 1769 | 2244 | 2622 | 2983 | 6208 | 6646 | 7085 | 7536 | |
| 399 | 1118 | 1770 | 2245 | 2623 | 2984 | 6209 | 6647 | 7086 | 7537 | |
| 403 | 1127 | 1771 | 2246 | 2624 | 2985 | 6211 | 6648 | 7087 | 7538 | |
| 404 | 1129 | 1772 | 2247 | 2625 | 2987 | 6213 | 6649 | 7088 | 7541 | |
| 405 | 1137 | 1773 | 2248 | 2626 | 2989 | 6216 | 6650 | 7089 | 7544 | |
| 406 | 1138 | 1774 | 2249 | 2627 | 2990 | 6219 | 6651 | 7091 | 7545 | |
| 407 | 1143 | 1777 | 2250 | 2628 | 2991 | 6220 | 6652 | 7092 | 7546 | |
| 413 | 1145 | 1778 | 2252 | 2629 | 2992 | 6221 | 6653 | 7093 | 7547 | |
| 460 | 1150 | 1780 | 2253 | 2630 | 2994 | 6224 | 6654 | 7094 | 7548 | |
| 474 | 1154 | 1781 | 2255 | 2631 | 2995 | 6225 | 6657 | 7095 | 7550 | |
| 480 | 1155 | 1782 | 2256 | 2632 | 2996 | 6228 | 6658 | 7096 | 7551 | |
| 489 | 1156 | 1785 | 2257 | 2633 | 2997 | 6229 | 6659 | 7100 | 7552 | |
| 498 | 1157 | 1786 | 2260 | 2634 | 2998 | 6230 | 6660 | 7101 | 7553 | |
| 517 | 1159 | 1789 | 2261 | 2635 | 2999 | 6231 | 6662 | 7102 | 7554 | |
| 519 | 1161 | 1790 | 2262 | 2636 | 3002 | 6232 | 6663 | 7103 | 7555 | |
| 524 | 1163 | 1791 | 2263 | 2637 | 3005 | 6233 | 6664 | 7104 | 7556 | |
| 528 | 1164 | 1793 | 2265 | 2638 | 3006 | 6234 | 6666 | 7105 | 7557 | |
| 534 | 1168 | 1794 | 2266 | 2639 | 3007 | 6235 | 6667 | 7106 | 7558 | |
| 536 | 1169 | 1796 | 2270 | 2640 | 3008 | 6237 | 6670 | 7107 | 7559 | |
| 541 | 1170 | 1799 | 2271 | 2641 | 3009 | 6238 | 6673 | 7108 | 7560 | |
| 550 | 1171 | 1800 | 2272 | 2642 | 3010 | 6242 | 6674 | 7110 | 7562 | |
| 555 | 1172 | 1801 | 2273 | 2643 | 3011 | 6246 | 6675 | 7111 | 7567 | |
| 556 | 1176 | 1802 | 2275 | 2644 | 3012 | 6247 | 6676 | 7113 | 7569 | |
| 564 | 1193 | 1804 | 2276 | 2645 | 3013 | 6248 | 6677 | 7117 | 7570 | |
| 568 | 1195 | 1805 | 2278 | 2646 | 3014 | 6251 | 6678 | 7120 | 7571 | |

【１３７１】

【表Ｄ８－８】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 569 | 1196 | 1810 | 2280 | 2647 | 3015 | 6252 | 6679 | 7121 | 7572 | |
| 571 | 1197 | 1811 | 2281 | 2648 | 3018 | 6253 | 6682 | 7122 | 7573 | |
| 580 | 1198 | 1812 | 2282 | 2649 | 3019 | 6256 | 6683 | 7124 | 7574 | |
| 581 | 1199 | 1813 | 2283 | 2650 | 3020 | 6257 | 6684 | 7126 | 7575 | |
| 586 | 1200 | 1816 | 2286 | 2651 | 3021 | 6258 | 6685 | 7127 | 7576 | |
| 587 | 1201 | 1823 | 2287 | 2652 | 3022 | 6259 | 6686 | 7129 | 7577 | |
| 588 | 1202 | 1824 | 2289 | 2653 | 3024 | 6260 | 6687 | 7130 | 7578 | |
| 590 | 1203 | 1827 | 2291 | 2654 | 3025 | 6262 | 6688 | 7131 | 7582 | |
| 591 | 1204 | 1829 | 2294 | 2655 | 3026 | 6263 | 6690 | 7132 | 7583 | |
| 592 | 1205 | 1831 | 2295 | 2656 | 3027 | 6265 | 6691 | 7134 | 7584 | |
| 593 | 1206 | 1835 | 2299 | 2657 | 3028 | 6267 | 6692 | 7135 | 7585 | |
| 594 | 1207 | 1854 | 2300 | 2658 | 3030 | 6268 | 6695 | 7137 | 7586 | |
| 595 | 1208 | 1855 | 2301 | 2659 | 3031 | 6269 | 6696 | 7139 | 7587 | |
| 599 | 1209 | 1856 | 2302 | 2660 | 3035 | 6270 | 6697 | 7141 | 7588 | |
| 602 | 1210 | 1857 | 2303 | 2661 | 3036 | 6271 | 6698 | 7142 | 7590 | |
| 603 | 1212 | 1858 | 2304 | 2662 | 3037 | 6272 | 6699 | 7144 | 7592 | |
| 611 | 1213 | 1859 | 2305 | 2663 | 3038 | 6273 | 6700 | 7145 | 7594 | |
| 613 | 1214 | 1860 | 2306 | 2664 | 3039 | 6274 | 6701 | 7146 | 7596 | |
| 616 | 1215 | 1861 | 2307 | 2665 | 3040 | 6275 | 6702 | 7147 | 7597 | |
| 628 | 1216 | 1862 | 2308 | 2666 | 3041 | 6276 | 6704 | 7148 | 7598 | |
| 638 | 1217 | 1863 | 2309 | 2667 | 3042 | 6278 | 6706 | 7149 | 7599 | |
| 645 | 1218 | 1864 | 2310 | 2670 | 3043 | 6279 | 6707 | 7150 | 7600 | |
| 647 | 1219 | 1865 | 2311 | 2672 | 3044 | 6280 | 6708 | 7151 | 7601 | |
| 648 | 1220 | 1866 | 2312 | 2673 | 3045 | 6282 | 6709 | 7152 | 7602 | |
| 649 | 1222 | 1867 | 2313 | 2674 | 3046 | 6283 | 6711 | 7153 | 7603 | |
| 651 | 1223 | 1868 | 2314 | 2675 | 3047 | 6284 | 6712 | 7154 | 7604 | |
| 654 | 1224 | 1869 | 2315 | 2676 | 3048 | 6285 | 6714 | 7155 | 7605 | |
| 659 | 1225 | 1870 | 2316 | 2677 | 3049 | 6286 | 6715 | 7156 | 7606 | |
| 660 | 1227 | 1871 | 2317 | 2678 | 3050 | 6287 | 6716 | 7158 | 7608 | |
| 662 | 1228 | 1872 | 2318 | 2679 | 3051 | 6288 | 6717 | 7159 | 7609 | |
| 674 | 1230 | 1874 | 2319 | 2681 | 3052 | 6290 | 6719 | 7160 | 7610 | |
| 675 | 1232 | 1875 | 2320 | 2684 | 3053 | 6291 | 6720 | 7164 | 7611 | |
| 676 | 1233 | 1876 | 2321 | 2685 | 3054 | 6293 | 6721 | 7165 | 7614 | |
| 677 | 1235 | 1877 | 2322 | 2686 | 3055 | 6294 | 6725 | 7169 | 7615 | |
| 681 | 1237 | 1878 | 2323 | 2687 | 3056 | 6296 | 6726 | 7171 | 7616 | |
| 704 | 1238 | 1880 | 2324 | 2688 | 3057 | 6297 | 6727 | 7172 | 7618 | |
| 722 | 1239 | 1881 | 2325 | 2689 | 3058 | 6299 | 6728 | 7173 | 7619 | |

【１３７２】

総合すると、様々な分析は、試験される３つ以上の条件又はレプリケートにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していたライブラリー内の約６２５の遺伝子組換えポリペプチド、及び少なくとも１つの条件において少なくとも１以上のＺスコアを有していたライブラリー内の約４６２５遺伝子組換えポリペプチドを同定した（これらは、それぞれ表Ｄ９及びＤ１０に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む）。

【１３７３】

【表Ｄ９－１】

表D9. 試験される3つ以上の条件又はレプリケートにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 883 | 1376 | 1942 | 2332 | 2619 | 2817 | 3076 | 6567 |
| 35 | 884 | 1377 | 1943 | 2333 | 2620 | 2818 | 3079 | 6568 |
| 36 | 890 | 1380 | 1945 | 2335 | 2622 | 2820 | 3083 | 6591 |
| 37 | 898 | 1381 | 1949 | 2338 | 2623 | 2822 | 3084 | 6738 |
| 38 | 900 | 1382 | 1951 | 2342 | 2624 | 2823 | 3085 | 6760 |
| 39 | 901 | 1383 | 1953 | 2343 | 2627 | 2825 | 3087 | 6761 |
| 40 | 912 | 1384 | 1961 | 2345 | 2629 | 2826 | 3091 | 6783 |
| 41 | 915 | 1385 | 1967 | 2346 | 2631 | 2830 | 3093 | 6788 |
| 48 | 929 | 1389 | 1968 | 2347 | 2632 | 2833 | 3094 | 6876 |
| 49 | 933 | 1390 | 1970 | 2353 | 2633 | 2835 | 3096 | 6883 |
| 62 | 958 | 1394 | 1976 | 2359 | 2634 | 2836 | 3099 | 6925 |
| 97 | 960 | 1397 | 1978 | 2360 | 2636 | 2838 | 3103 | 6998 |
| 113 | 961 | 1399 | 1991 | 2363 | 2638 | 2840 | 3107 | 7036 |
| 117 | 963 | 1400 | 1992 | 2364 | 2639 | 2850 | 3108 | 7067 |
| 121 | 964 | 1401 | 2048 | 2365 | 2644 | 2865 | 3111 | 7103 |
| 123 | 966 | 1402 | 2060 | 2370 | 2647 | 2871 | 3112 | 7121 |
| 139 | 967 | 1404 | 2086 | 2371 | 2648 | 2874 | 3116 | 7142 |
| 140 | 978 | 1405 | 2091 | 2382 | 2649 | 2877 | 3120 | 7154 |
| 141 | 987 | 1406 | 2092 | 2395 | 2653 | 2878 | 3121 | 7242 |
| 142 | 1006 | 1410 | 2093 | 2400 | 2654 | 2880 | 3123 | 7262 |
| 144 | 1007 | 1415 | 2094 | 2403 | 2656 | 2881 | 3124 | 7267 |
| 147 | 1008 | 1419 | 2104 | 2405 | 2657 | 2886 | 3125 | 7293 |
| 156 | 1009 | 1422 | 2112 | 2449 | 2660 | 2887 | 3126 | 7335 |
| 190 | 1011 | 1423 | 2114 | 2503 | 2666 | 2888 | 3130 | 7397 |
| 191 | 1012 | 1424 | 2115 | 2504 | 2667 | 2890 | 3136 | 7443 |
| 192 | 1015 | 1441 | 2117 | 2505 | 2675 | 2893 | 4501 | 7476 |
| 195 | 1016 | 1540 | 2132 | 2506 | 2676 | 2895 | 4502 | 7496 |
| 199 | 1017 | 1543 | 2137 | 2507 | 2678 | 2901 | 4503 | 7509 |
| 212 | 1018 | 1550 | 2144 | 2508 | 2681 | 2903 | 4504 | 7555 |
| 213 | 1019 | 1553 | 2145 | 2510 | 2700 | 2904 | 4505 | 7587 |
| 219 | 1020 | 1616 | 2148 | 2511 | 2701 | 2905 | 4506 | 7588 |
| 228 | 1021 | 1618 | 2149 | 2512 | 2711 | 2909 | 4507 | 7660 |
| 232 | 1022 | 1619 | 2158 | 2513 | 2712 | 2913 | 4508 | 7667 |
| 239 | 1023 | 1666 | 2161 | 2514 | 2713 | 2914 | 4509 | |

【１３７４】

【表Ｄ９－２】

| | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 252 | 1025 | 1668 | 2165 | 2515 | 2714 | 2916 | 4510 | |
| 258 | 1029 | 1672 | 2172 | 2518 | 2715 | 2920 | 4511 | |
| 268 | 1033 | 1677 | 2174 | 2519 | 2716 | 2922 | 4512 | |
| 300 | 1034 | 1679 | 2192 | 2521 | 2718 | 2927 | 4513 | |
| 303 | 1037 | 1682 | 2196 | 2525 | 2721 | 2928 | 4514 | |
| 313 | 1038 | 1686 | 2225 | 2526 | 2723 | 2929 | 4515 | |
| 316 | 1039 | 1690 | 2226 | 2527 | 2726 | 2930 | 4516 | |
| 317 | 1043 | 1691 | 2227 | 2528 | 2731 | 2932 | 4517 | |
| 318 | 1044 | 1695 | 2231 | 2529 | 2734 | 2933 | 4518 | |
| 320 | 1046 | 1698 | 2235 | 2530 | 2737 | 2937 | 4519 | |
| 332 | 1047 | 1721 | 2236 | 2531 | 2741 | 2943 | 4520 | |
| 341 | 1049 | 1754 | 2249 | 2534 | 2744 | 2948 | 4521 | |
| 346 | 1052 | 1759 | 2280 | 2535 | 2745 | 2950 | 4522 | |
| 352 | 1056 | 1769 | 2299 | 2536 | 2748 | 2953 | 4523 | |
| 363 | 1059 | 1770 | 2300 | 2539 | 2760 | 2957 | 4524 | |
| 384 | 1060 | 1772 | 2301 | 2542 | 2772 | 2966 | 4525 | |
| 386 | 1061 | 1773 | 2302 | 2544 | 2780 | 2967 | 4526 | |
| 392 | 1076 | 1856 | 2303 | 2547 | 2781 | 2972 | 4527 | |
| 396 | 1083 | 1857 | 2304 | 2548 | 2782 | 2976 | 4528 | |
| 480 | 1093 | 1860 | 2305 | 2550 | 2783 | 2982 | 4529 | |
| 550 | 1115 | 1861 | 2308 | 2551 | 2784 | 2983 | 4530 | |
| 590 | 1137 | 1863 | 2309 | 2553 | 2786 | 2991 | 4531 | |
| 591 | 1168 | 1864 | 2311 | 2556 | 2787 | 2995 | 4532 | |
| 647 | 1171 | 1865 | 2312 | 2559 | 2788 | 3007 | 4533 | |
| 715 | 1197 | 1867 | 2313 | 2561 | 2789 | 3014 | 4534 | |
| 800 | 1198 | 1868 | 2314 | 2562 | 2790 | 3015 | 4535 | |
| 801 | 1202 | 1870 | 2315 | 2566 | 2791 | 3018 | 4536 | |
| 804 | 1203 | 1871 | 2316 | 2568 | 2792 | 3026 | 4537 | |
| 805 | 1210 | 1874 | 2317 | 2573 | 2794 | 3035 | 4538 | |
| 806 | 1216 | 1875 | 2319 | 2578 | 2795 | 3039 | 4539 | |
| 818 | 1219 | 1876 | 2320 | 2583 | 2797 | 3042 | 4540 | |
| 819 | 1225 | 1877 | 2322 | 2585 | 2798 | 3044 | 4541 | |
| 871 | 1235 | 1881 | 2323 | 2592 | 2800 | 3045 | 6030 | |
| 872 | 1242 | 1883 | 2324 | 2599 | 2801 | 3052 | 6073 | |
| 873 | 1262 | 1889 | 2325 | 2610 | 2802 | 3053 | 6091 | |
| 874 | 1371 | 1899 | 2326 | 2611 | 2804 | 3057 | 6181 | |
| 876 | 1372 | 1937 | 2327 | 2612 | 2808 | 3059 | 6312 | |
| 878 | 1373 | 1938 | 2328 | 2614 | 2810 | 3063 | 6402 | |
| 880 | 1374 | 1939 | 2329 | 2615 | 2813 | 3065 | 6434 | |
| 882 | 1375 | 1940 | 2331 | 2618 | 2815 | 3067 | 6505 | |

【１３７５】

【表Ｄ１０－１】

表D10. 少なくとも1つの条件において少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 596 | 1217 | 1846 | 2365 | 2884 | 6111 | 6610 | 7109 | 7608 |
| 2 | 597 | 1218 | 1847 | 2366 | 2885 | 6112 | 6611 | 7110 | 7609 |
| 3 | 598 | 1219 | 1848 | 2367 | 2886 | 6113 | 6612 | 7111 | 7610 |
| 4 | 599 | 1220 | 1849 | 2368 | 2887 | 6114 | 6613 | 7112 | 7611 |
| 5 | 600 | 1221 | 1850 | 2369 | 2888 | 6115 | 6614 | 7113 | 7612 |
| 6 | 601 | 1222 | 1851 | 2370 | 2889 | 6116 | 6615 | 7114 | 7613 |
| 7 | 602 | 1223 | 1852 | 2371 | 2890 | 6117 | 6616 | 7115 | 7614 |
| 9 | 603 | 1224 | 1853 | 2372 | 2891 | 6118 | 6617 | 7116 | 7615 |
| 10 | 604 | 1225 | 1854 | 2373 | 2892 | 6119 | 6618 | 7117 | 7616 |
| 12 | 605 | 1226 | 1855 | 2374 | 2893 | 6120 | 6619 | 7118 | 7617 |
| 13 | 606 | 1227 | 1856 | 2375 | 2894 | 6121 | 6620 | 7119 | 7618 |
| 14 | 607 | 1228 | 1857 | 2376 | 2895 | 6122 | 6621 | 7120 | 7619 |
| 17 | 610 | 1229 | 1858 | 2377 | 2896 | 6123 | 6622 | 7121 | 7620 |
| 18 | 611 | 1230 | 1859 | 2378 | 2897 | 6124 | 6623 | 7122 | 7621 |
| 19 | 613 | 1231 | 1860 | 2379 | 2898 | 6125 | 6624 | 7123 | 7622 |
| 22 | 614 | 1232 | 1861 | 2380 | 2899 | 6126 | 6625 | 7124 | 7623 |
| 24 | 616 | 1233 | 1862 | 2381 | 2900 | 6127 | 6626 | 7125 | 7624 |
| 28 | 617 | 1234 | 1863 | 2382 | 2901 | 6128 | 6627 | 7126 | 7625 |
| 33 | 618 | 1235 | 1864 | 2383 | 2902 | 6129 | 6628 | 7127 | 7626 |
| 34 | 624 | 1236 | 1865 | 2384 | 2903 | 6130 | 6629 | 7128 | 7627 |
| 35 | 625 | 1237 | 1866 | 2385 | 2904 | 6131 | 6630 | 7129 | 7628 |
| 36 | 626 | 1238 | 1867 | 2386 | 2905 | 6132 | 6631 | 7130 | 7629 |
| 37 | 628 | 1239 | 1868 | 2387 | 2906 | 6133 | 6632 | 7131 | 7630 |
| 38 | 631 | 1240 | 1869 | 2388 | 2907 | 6134 | 6633 | 7132 | 7631 |
| 39 | 632 | 1241 | 1870 | 2389 | 2908 | 6135 | 6634 | 7133 | 7632 |
| 40 | 633 | 1242 | 1871 | 2390 | 2909 | 6136 | 6635 | 7134 | 7633 |
| 41 | 634 | 1243 | 1872 | 2391 | 2910 | 6137 | 6636 | 7135 | 7634 |
| 42 | 636 | 1244 | 1873 | 2392 | 2911 | 6138 | 6637 | 7136 | 7635 |
| 43 | 638 | 1245 | 1874 | 2393 | 2912 | 6139 | 6638 | 7137 | 7636 |
| 44 | 640 | 1246 | 1875 | 2394 | 2913 | 6140 | 6639 | 7138 | 7637 |
| 45 | 645 | 1247 | 1876 | 2395 | 2914 | 6141 | 6640 | 7139 | 7638 |
| 46 | 647 | 1248 | 1877 | 2396 | 2915 | 6142 | 6641 | 7140 | 7639 |
| 47 | 648 | 1249 | 1878 | 2397 | 2916 | 6143 | 6642 | 7141 | 7640 |
| 48 | 649 | 1250 | 1879 | 2398 | 2917 | 6144 | 6643 | 7142 | 7641 |
| 49 | 650 | 1251 | 1880 | 2399 | 2918 | 6145 | 6644 | 7143 | 7642 |
| 50 | 651 | 1252 | 1881 | 2400 | 2919 | 6146 | 6645 | 7144 | 7643 |
| 51 | 652 | 1253 | 1882 | 2401 | 2920 | 6147 | 6646 | 7145 | 7644 |

【１３７６】

【表Ｄ１０－２】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 52 | 653 | 1254 | 1883 | 2402 | 2921 | 6148 | 6647 | 7146 | 7645 |
| 53 | 654 | 1255 | 1884 | 2403 | 2922 | 6149 | 6648 | 7147 | 7646 |
| 54 | 655 | 1256 | 1885 | 2404 | 2923 | 6150 | 6649 | 7148 | 7647 |
| 55 | 656 | 1257 | 1886 | 2405 | 2924 | 6151 | 6650 | 7149 | 7648 |
| 56 | 657 | 1258 | 1887 | 2406 | 2925 | 6152 | 6651 | 7150 | 7649 |
| 57 | 659 | 1259 | 1888 | 2407 | 2926 | 6153 | 6652 | 7151 | 7650 |
| 58 | 660 | 1260 | 1889 | 2408 | 2927 | 6154 | 6653 | 7152 | 7651 |
| 59 | 661 | 1261 | 1890 | 2409 | 2928 | 6155 | 6654 | 7153 | 7652 |
| 60 | 662 | 1262 | 1891 | 2410 | 2929 | 6156 | 6655 | 7154 | 7653 |
| 61 | 663 | 1263 | 1892 | 2411 | 2930 | 6157 | 6656 | 7155 | 7654 |
| 62 | 664 | 1264 | 1893 | 2412 | 2931 | 6158 | 6657 | 7156 | 7655 |
| 63 | 666 | 1265 | 1894 | 2413 | 2932 | 6159 | 6658 | 7157 | 7656 |
| 64 | 667 | 1266 | 1895 | 2414 | 2933 | 6160 | 6659 | 7158 | 7657 |
| 65 | 668 | 1267 | 1896 | 2415 | 2934 | 6161 | 6660 | 7159 | 7658 |
| 66 | 669 | 1268 | 1897 | 2416 | 2935 | 6162 | 6661 | 7160 | 7659 |
| 67 | 670 | 1269 | 1898 | 2417 | 2936 | 6163 | 6662 | 7161 | 7660 |
| 68 | 673 | 1270 | 1899 | 2418 | 2937 | 6164 | 6663 | 7162 | 7661 |
| 69 | 674 | 1271 | 1900 | 2419 | 2938 | 6165 | 6664 | 7163 | 7662 |
| 70 | 675 | 1272 | 1901 | 2420 | 2939 | 6166 | 6665 | 7164 | 7663 |
| 71 | 676 | 1273 | 1902 | 2422 | 2940 | 6167 | 6666 | 7165 | 7664 |
| 72 | 677 | 1274 | 1903 | 2423 | 2941 | 6168 | 6667 | 7166 | 7665 |
| 73 | 678 | 1275 | 1904 | 2424 | 2942 | 6169 | 6668 | 7167 | 7666 |
| 74 | 679 | 1276 | 1905 | 2425 | 2943 | 6170 | 6669 | 7168 | 7667 |
| 75 | 680 | 1277 | 1906 | 2426 | 2944 | 6171 | 6670 | 7169 | 7668 |
| 76 | 681 | 1278 | 1907 | 2427 | 2945 | 6172 | 6671 | 7170 | 7669 |
| 77 | 684 | 1279 | 1908 | 2431 | 2946 | 6173 | 6672 | 7171 | 7670 |
| 78 | 687 | 1280 | 1909 | 2436 | 2947 | 6174 | 6673 | 7172 | 7671 |
| 79 | 689 | 1281 | 1910 | 2438 | 2948 | 6175 | 6674 | 7173 | 7672 |
| 80 | 690 | 1282 | 1911 | 2440 | 2949 | 6176 | 6675 | 7174 | 7673 |
| 81 | 692 | 1288 | 1912 | 2441 | 2950 | 6177 | 6676 | 7175 | 7674 |
| 82 | 694 | 1290 | 1913 | 2442 | 2951 | 6178 | 6677 | 7176 | 7675 |
| 83 | 700 | 1295 | 1914 | 2443 | 2952 | 6179 | 6678 | 7177 | 7676 |
| 84 | 702 | 1296 | 1915 | 2444 | 2953 | 6180 | 6679 | 7178 | 7677 |
| 85 | 704 | 1298 | 1916 | 2445 | 2954 | 6181 | 6680 | 7179 | 7678 |
| 86 | 706 | 1299 | 1917 | 2446 | 2955 | 6182 | 6681 | 7180 | 7679 |
| 87 | 707 | 1301 | 1918 | 2447 | 2957 | 6183 | 6682 | 7181 | 7680 |
| 88 | 711 | 1302 | 1919 | 2448 | 2958 | 6184 | 6683 | 7182 | 7681 |
| 89 | 715 | 1304 | 1920 | 2449 | 2959 | 6185 | 6684 | 7183 | 7682 |
| 90 | 716 | 1305 | 1921 | 2450 | 2960 | 6186 | 6685 | 7184 | 7683 |
| 91 | 717 | 1308 | 1922 | 2451 | 2962 | 6187 | 6686 | 7185 | 7684 |
| 92 | 719 | 1311 | 1923 | 2452 | 2965 | 6188 | 6687 | 7186 | 7685 |

【１３７７】

【表Ｄ１０－３】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 93 | 720 | 1312 | 1924 | 2453 | 2966 | 6189 | 6688 | 7187 | 7686 |
| 94 | 722 | 1314 | 1925 | 2454 | 2967 | 6190 | 6689 | 7188 | 7687 |
| 95 | 724 | 1315 | 1926 | 2455 | 2968 | 6191 | 6690 | 7189 | 7688 |
| 96 | 726 | 1319 | 1927 | 2456 | 2969 | 6192 | 6691 | 7190 | 7689 |
| 97 | 727 | 1320 | 1928 | 2457 | 2970 | 6193 | 6692 | 7191 | 7690 |
| 98 | 728 | 1322 | 1929 | 2458 | 2971 | 6194 | 6693 | 7192 | 7691 |
| 99 | 729 | 1324 | 1931 | 2459 | 2972 | 6195 | 6694 | 7193 | 7692 |
| 100 | 731 | 1326 | 1932 | 2460 | 2973 | 6196 | 6695 | 7194 | 7693 |
| 101 | 738 | 1327 | 1933 | 2461 | 2974 | 6197 | 6696 | 7195 | 7694 |
| 102 | 739 | 1328 | 1934 | 2462 | 2975 | 6198 | 6697 | 7196 | 7695 |
| 103 | 740 | 1329 | 1935 | 2463 | 2976 | 6199 | 6698 | 7197 | 7696 |
| 104 | 745 | 1330 | 1936 | 2464 | 2977 | 6200 | 6699 | 7198 | 7697 |
| 105 | 746 | 1338 | 1937 | 2465 | 2978 | 6201 | 6700 | 7199 | 7698 |
| 106 | 747 | 1340 | 1938 | 2466 | 2979 | 6202 | 6701 | 7200 | 7699 |
| 107 | 755 | 1342 | 1939 | 2467 | 2980 | 6203 | 6702 | 7201 | 7700 |
| 108 | 756 | 1343 | 1940 | 2468 | 2981 | 6204 | 6703 | 7202 | 7701 |
| 110 | 759 | 1346 | 1941 | 2469 | 2982 | 6205 | 6704 | 7203 | 7702 |
| 111 | 765 | 1347 | 1942 | 2470 | 2983 | 6206 | 6705 | 7204 | 7703 |
| 112 | 766 | 1348 | 1943 | 2471 | 2984 | 6207 | 6706 | 7205 | 7704 |
| 113 | 767 | 1349 | 1944 | 2472 | 2985 | 6208 | 6707 | 7206 | 7705 |
| 114 | 768 | 1350 | 1945 | 2473 | 2986 | 6209 | 6708 | 7207 | 7706 |
| 115 | 769 | 1351 | 1946 | 2474 | 2987 | 6210 | 6709 | 7208 | 7707 |
| 116 | 770 | 1353 | 1947 | 2476 | 2988 | 6211 | 6710 | 7209 | 7708 |
| 117 | 771 | 1354 | 1948 | 2477 | 2989 | 6212 | 6711 | 7210 | 7709 |
| 118 | 772 | 1357 | 1949 | 2478 | 2990 | 6213 | 6712 | 7211 | 7710 |
| 119 | 773 | 1359 | 1950 | 2479 | 2991 | 6214 | 6713 | 7212 | 7711 |
| 120 | 774 | 1362 | 1951 | 2480 | 2992 | 6215 | 6714 | 7213 | 7712 |
| 121 | 775 | 1365 | 1952 | 2481 | 2993 | 6216 | 6715 | 7214 | 7713 |
| 122 | 776 | 1366 | 1953 | 2482 | 2994 | 6217 | 6716 | 7215 | 7714 |
| 123 | 777 | 1369 | 1954 | 2483 | 2995 | 6218 | 6717 | 7216 | 7715 |
| 124 | 780 | 1370 | 1955 | 2484 | 2996 | 6219 | 6718 | 7217 | 7716 |
| 125 | 781 | 1371 | 1956 | 2485 | 2997 | 6220 | 6719 | 7218 | 7717 |
| 126 | 782 | 1372 | 1957 | 2486 | 2998 | 6221 | 6720 | 7219 | 7718 |
| 127 | 783 | 1373 | 1958 | 2488 | 2999 | 6222 | 6721 | 7220 | 7719 |
| 128 | 784 | 1374 | 1959 | 2489 | 3001 | 6223 | 6722 | 7221 | 7720 |
| 129 | 785 | 1375 | 1960 | 2490 | 3002 | 6224 | 6723 | 7222 | 7721 |
| 130 | 789 | 1376 | 1961 | 2491 | 3003 | 6225 | 6724 | 7223 | 7722 |
| 131 | 790 | 1377 | 1962 | 2492 | 3004 | 6226 | 6725 | 7224 | 7723 |
| 132 | 794 | 1378 | 1963 | 2496 | 3005 | 6227 | 6726 | 7225 | 7724 |
| 133 | 797 | 1379 | 1964 | 2497 | 3006 | 6228 | 6727 | 7226 | 7725 |
| 134 | 798 | 1380 | 1965 | 2498 | 3007 | 6229 | 6728 | 7227 | 7726 |

【１３７８】

【表Ｄ１０－４】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 135 | 799 | 1381 | 1966 | 2501 | 3008 | 6230 | 6729 | 7228 | 7727 |
| 136 | 800 | 1382 | 1967 | 2502 | 3009 | 6231 | 6730 | 7229 | 7728 |
| 137 | 801 | 1383 | 1968 | 2503 | 3010 | 6232 | 6731 | 7230 | 7729 |
| 138 | 802 | 1384 | 1969 | 2504 | 3011 | 6233 | 6732 | 7231 | 7730 |
| 139 | 803 | 1385 | 1970 | 2505 | 3012 | 6234 | 6733 | 7232 | 7731 |
| 140 | 804 | 1386 | 1971 | 2506 | 3013 | 6235 | 6734 | 7233 | 7732 |
| 141 | 805 | 1387 | 1972 | 2507 | 3014 | 6236 | 6735 | 7234 | 7733 |
| 142 | 806 | 1388 | 1973 | 2508 | 3015 | 6237 | 6736 | 7235 | 7734 |
| 143 | 807 | 1389 | 1974 | 2509 | 3016 | 6238 | 6737 | 7236 | 7735 |
| 144 | 808 | 1390 | 1975 | 2510 | 3017 | 6239 | 6738 | 7237 | 7736 |
| 145 | 809 | 1391 | 1976 | 2511 | 3018 | 6240 | 6739 | 7238 | 7737 |
| 146 | 810 | 1392 | 1977 | 2512 | 3019 | 6241 | 6740 | 7239 | 7738 |
| 147 | 811 | 1393 | 1978 | 2513 | 3020 | 6242 | 6741 | 7240 | 7739 |
| 148 | 812 | 1394 | 1979 | 2514 | 3021 | 6243 | 6742 | 7241 | 7740 |
| 149 | 813 | 1395 | 1980 | 2515 | 3022 | 6244 | 6743 | 7242 | 7741 |
| 150 | 814 | 1396 | 1981 | 2516 | 3023 | 6245 | 6744 | 7243 | 7742 |
| 151 | 815 | 1397 | 1982 | 2517 | 3024 | 6246 | 6745 | 7244 | 7743 |
| 152 | 816 | 1398 | 1983 | 2518 | 3025 | 6247 | 6746 | 7245 | |
| 153 | 817 | 1399 | 1984 | 2519 | 3026 | 6248 | 6747 | 7246 | |
| 154 | 818 | 1400 | 1985 | 2520 | 3027 | 6249 | 6748 | 7247 | |
| 155 | 819 | 1401 | 1986 | 2521 | 3028 | 6250 | 6749 | 7248 | |
| 156 | 820 | 1402 | 1987 | 2522 | 3029 | 6251 | 6750 | 7249 | |
| 157 | 821 | 1403 | 1988 | 2523 | 3030 | 6252 | 6751 | 7250 | |
| 158 | 822 | 1404 | 1989 | 2524 | 3031 | 6253 | 6752 | 7251 | |
| 159 | 823 | 1405 | 1990 | 2525 | 3032 | 6254 | 6753 | 7252 | |
| 160 | 824 | 1406 | 1991 | 2526 | 3033 | 6255 | 6754 | 7253 | |
| 161 | 825 | 1407 | 1992 | 2527 | 3034 | 6256 | 6755 | 7254 | |
| 162 | 826 | 1408 | 1993 | 2528 | 3035 | 6257 | 6756 | 7255 | |
| 163 | 827 | 1409 | 1994 | 2529 | 3036 | 6258 | 6757 | 7256 | |
| 164 | 828 | 1410 | 1995 | 2530 | 3037 | 6259 | 6758 | 7257 | |
| 165 | 829 | 1411 | 1996 | 2531 | 3038 | 6260 | 6759 | 7258 | |
| 166 | 830 | 1412 | 1997 | 2532 | 3039 | 6261 | 6760 | 7259 | |
| 167 | 831 | 1413 | 1998 | 2533 | 3040 | 6262 | 6761 | 7260 | |
| 168 | 832 | 1414 | 1999 | 2534 | 3041 | 6263 | 6762 | 7261 | |
| 169 | 833 | 1415 | 2000 | 2535 | 3042 | 6264 | 6763 | 7262 | |
| 170 | 834 | 1416 | 2001 | 2536 | 3043 | 6265 | 6764 | 7263 | |
| 171 | 835 | 1417 | 2002 | 2537 | 3044 | 6266 | 6765 | 7264 | |
| 172 | 836 | 1418 | 2003 | 2538 | 3045 | 6267 | 6766 | 7265 | |
| 173 | 837 | 1419 | 2004 | 2539 | 3046 | 6268 | 6767 | 7266 | |
| 174 | 839 | 1420 | 2005 | 2540 | 3047 | 6269 | 6768 | 7267 | |
| 175 | 840 | 1421 | 2006 | 2541 | 3048 | 6270 | 6769 | 7268 | |

【１３７９】

【表Ｄ１０－５】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 176 | 841 | 1422 | 2007 | 2542 | 3049 | 6271 | 6770 | 7269 | |
| 177 | 842 | 1423 | 2008 | 2543 | 3050 | 6272 | 6771 | 7270 | |
| 178 | 843 | 1424 | 2009 | 2544 | 3051 | 6273 | 6772 | 7271 | |
| 179 | 844 | 1425 | 2010 | 2545 | 3052 | 6274 | 6773 | 7272 | |
| 180 | 845 | 1426 | 2011 | 2546 | 3053 | 6275 | 6774 | 7273 | |
| 181 | 846 | 1427 | 2012 | 2547 | 3054 | 6276 | 6775 | 7274 | |
| 182 | 847 | 1428 | 2013 | 2548 | 3055 | 6277 | 6776 | 7275 | |
| 183 | 848 | 1429 | 2014 | 2549 | 3056 | 6278 | 6777 | 7276 | |
| 184 | 849 | 1430 | 2015 | 2550 | 3057 | 6279 | 6778 | 7277 | |
| 185 | 850 | 1431 | 2016 | 2551 | 3058 | 6280 | 6779 | 7278 | |
| 186 | 851 | 1432 | 2017 | 2552 | 3059 | 6281 | 6780 | 7279 | |
| 187 | 852 | 1433 | 2018 | 2553 | 3060 | 6282 | 6781 | 7280 | |
| 188 | 853 | 1434 | 2019 | 2554 | 3061 | 6283 | 6782 | 7281 | |
| 190 | 854 | 1435 | 2020 | 2555 | 3062 | 6284 | 6783 | 7282 | |
| 191 | 855 | 1436 | 2021 | 2556 | 3063 | 6285 | 6784 | 7283 | |
| 192 | 856 | 1437 | 2022 | 2557 | 3064 | 6286 | 6785 | 7284 | |
| 193 | 857 | 1439 | 2023 | 2558 | 3065 | 6287 | 6786 | 7285 | |
| 194 | 860 | 1440 | 2024 | 2559 | 3066 | 6288 | 6787 | 7286 | |
| 195 | 861 | 1441 | 2025 | 2560 | 3067 | 6289 | 6788 | 7287 | |
| 196 | 862 | 1442 | 2026 | 2561 | 3068 | 6290 | 6789 | 7288 | |
| 197 | 863 | 1443 | 2027 | 2562 | 3069 | 6291 | 6790 | 7289 | |
| 198 | 866 | 1444 | 2028 | 2563 | 3070 | 6292 | 6791 | 7290 | |
| 199 | 867 | 1445 | 2029 | 2564 | 3071 | 6293 | 6792 | 7291 | |
| 200 | 868 | 1446 | 2030 | 2565 | 3072 | 6294 | 6793 | 7292 | |
| 201 | 869 | 1447 | 2031 | 2566 | 3073 | 6295 | 6794 | 7293 | |
| 202 | 870 | 1448 | 2032 | 2567 | 3074 | 6296 | 6795 | 7294 | |
| 203 | 871 | 1449 | 2033 | 2568 | 3075 | 6297 | 6796 | 7295 | |
| 204 | 872 | 1450 | 2034 | 2569 | 3076 | 6298 | 6797 | 7296 | |
| 205 | 873 | 1451 | 2035 | 2570 | 3077 | 6299 | 6798 | 7297 | |
| 206 | 874 | 1452 | 2036 | 2571 | 3078 | 6300 | 6799 | 7298 | |
| 207 | 875 | 1454 | 2037 | 2572 | 3079 | 6301 | 6800 | 7299 | |
| 208 | 876 | 1455 | 2038 | 2573 | 3080 | 6302 | 6801 | 7300 | |
| 209 | 877 | 1456 | 2039 | 2574 | 3081 | 6303 | 6802 | 7301 | |
| 210 | 878 | 1460 | 2040 | 2575 | 3082 | 6304 | 6803 | 7302 | |
| 211 | 879 | 1462 | 2041 | 2576 | 3083 | 6305 | 6804 | 7303 | |
| 212 | 880 | 1465 | 2042 | 2577 | 3084 | 6306 | 6805 | 7304 | |
| 213 | 881 | 1469 | 2043 | 2578 | 3085 | 6307 | 6806 | 7305 | |
| 214 | 882 | 1471 | 2044 | 2579 | 3086 | 6308 | 6807 | 7306 | |
| 215 | 883 | 1473 | 2045 | 2580 | 3087 | 6309 | 6808 | 7307 | |
| 216 | 884 | 1475 | 2046 | 2581 | 3088 | 6310 | 6809 | 7308 | |
| 217 | 885 | 1488 | 2047 | 2582 | 3089 | 6311 | 6810 | 7309 | |

【１３８０】

【表Ｄ１０－６】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 218 | 886 | 1489 | 2048 | 2583 | 3090 | 6312 | 6811 | 7310 | |
| 219 | 887 | 1491 | 2049 | 2584 | 3091 | 6313 | 6812 | 7311 | |
| 220 | 888 | 1492 | 2050 | 2585 | 3092 | 6314 | 6813 | 7312 | |
| 221 | 889 | 1493 | 2051 | 2586 | 3093 | 6315 | 6814 | 7313 | |
| 222 | 890 | 1497 | 2052 | 2587 | 3094 | 6316 | 6815 | 7314 | |
| 223 | 891 | 1499 | 2053 | 2588 | 3095 | 6317 | 6816 | 7315 | |
| 224 | 892 | 1504 | 2054 | 2589 | 3096 | 6318 | 6817 | 7316 | |
| 225 | 893 | 1505 | 2055 | 2590 | 3097 | 6319 | 6818 | 7317 | |
| 226 | 894 | 1506 | 2056 | 2591 | 3098 | 6320 | 6819 | 7318 | |
| 227 | 895 | 1507 | 2057 | 2592 | 3099 | 6321 | 6820 | 7319 | |
| 228 | 896 | 1508 | 2058 | 2593 | 3100 | 6322 | 6821 | 7320 | |
| 229 | 897 | 1510 | 2059 | 2594 | 3101 | 6323 | 6822 | 7321 | |
| 230 | 898 | 1513 | 2060 | 2595 | 3102 | 6324 | 6823 | 7322 | |
| 231 | 899 | 1515 | 2061 | 2596 | 3103 | 6325 | 6824 | 7323 | |
| 232 | 900 | 1519 | 2062 | 2597 | 3104 | 6326 | 6825 | 7324 | |
| 233 | 901 | 1521 | 2063 | 2598 | 3105 | 6327 | 6826 | 7325 | |
| 234 | 902 | 1523 | 2064 | 2599 | 3106 | 6328 | 6827 | 7326 | |
| 235 | 903 | 1524 | 2066 | 2600 | 3107 | 6329 | 6828 | 7327 | |
| 236 | 904 | 1527 | 2069 | 2601 | 3108 | 6330 | 6829 | 7328 | |
| 237 | 905 | 1529 | 2070 | 2602 | 3109 | 6331 | 6830 | 7329 | |
| 238 | 906 | 1531 | 2071 | 2603 | 3110 | 6332 | 6831 | 7330 | |
| 239 | 907 | 1539 | 2072 | 2604 | 3111 | 6333 | 6832 | 7331 | |
| 240 | 908 | 1540 | 2074 | 2605 | 3112 | 6334 | 6833 | 7332 | |
| 241 | 909 | 1541 | 2075 | 2606 | 3113 | 6335 | 6834 | 7333 | |
| 242 | 910 | 1542 | 2076 | 2607 | 3114 | 6336 | 6835 | 7334 | |
| 243 | 911 | 1543 | 2079 | 2608 | 3115 | 6337 | 6836 | 7335 | |
| 244 | 912 | 1544 | 2080 | 2610 | 3116 | 6338 | 6837 | 7336 | |
| 245 | 913 | 1545 | 2081 | 2611 | 3117 | 6339 | 6838 | 7337 | |
| 246 | 914 | 1546 | 2082 | 2612 | 3118 | 6340 | 6839 | 7338 | |
| 247 | 915 | 1547 | 2084 | 2613 | 3119 | 6341 | 6840 | 7339 | |
| 248 | 916 | 1548 | 2085 | 2614 | 3120 | 6342 | 6841 | 7340 | |
| 249 | 917 | 1549 | 2086 | 2615 | 3121 | 6343 | 6842 | 7341 | |
| 250 | 918 | 1550 | 2087 | 2616 | 3122 | 6344 | 6843 | 7342 | |
| 251 | 919 | 1551 | 2088 | 2617 | 3123 | 6345 | 6844 | 7343 | |
| 252 | 920 | 1552 | 2089 | 2618 | 3124 | 6346 | 6845 | 7344 | |
| 253 | 921 | 1553 | 2090 | 2619 | 3125 | 6347 | 6846 | 7345 | |
| 254 | 922 | 1554 | 2091 | 2620 | 3126 | 6348 | 6847 | 7346 | |
| 255 | 923 | 1555 | 2092 | 2621 | 3127 | 6349 | 6848 | 7347 | |
| 256 | 924 | 1556 | 2093 | 2622 | 3128 | 6350 | 6849 | 7348 | |
| 257 | 925 | 1557 | 2094 | 2623 | 3129 | 6351 | 6850 | 7349 | |
| 258 | 926 | 1558 | 2095 | 2624 | 3130 | 6352 | 6851 | 7350 | |

【１３８１】

【表Ｄ１０－７】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 259 | 927 | 1559 | 2096 | 2625 | 3131 | 6353 | 6852 | 7351 | |
| 260 | 928 | 1560 | 2097 | 2626 | 3132 | 6354 | 6853 | 7352 | |
| 261 | 929 | 1561 | 2098 | 2627 | 3133 | 6355 | 6854 | 7353 | |
| 262 | 930 | 1563 | 2099 | 2628 | 3134 | 6356 | 6855 | 7354 | |
| 263 | 931 | 1564 | 2100 | 2629 | 3135 | 6357 | 6856 | 7355 | |
| 264 | 932 | 1565 | 2101 | 2630 | 3136 | 6358 | 6857 | 7356 | |
| 265 | 933 | 1566 | 2102 | 2631 | 3138 | 6359 | 6858 | 7357 | |
| 266 | 934 | 1567 | 2103 | 2632 | 3139 | 6360 | 6859 | 7358 | |
| 267 | 935 | 1568 | 2104 | 2633 | 3141 | 6361 | 6860 | 7359 | |
| 268 | 936 | 1570 | 2105 | 2634 | 3142 | 6362 | 6861 | 7360 | |
| 269 | 937 | 1571 | 2106 | 2635 | 3144 | 6363 | 6862 | 7361 | |
| 270 | 938 | 1572 | 2107 | 2636 | 3146 | 6364 | 6863 | 7362 | |
| 271 | 939 | 1573 | 2108 | 2637 | 3147 | 6365 | 6864 | 7363 | |
| 272 | 940 | 1574 | 2109 | 2638 | 3149 | 6366 | 6865 | 7364 | |
| 273 | 941 | 1575 | 2110 | 2639 | 3152 | 6367 | 6866 | 7365 | |
| 274 | 942 | 1576 | 2111 | 2640 | 3153 | 6368 | 6867 | 7366 | |
| 275 | 943 | 1577 | 2112 | 2641 | 3154 | 6369 | 6868 | 7367 | |
| 276 | 944 | 1578 | 2113 | 2642 | 3155 | 6370 | 6869 | 7368 | |
| 277 | 945 | 1579 | 2114 | 2643 | 3157 | 6371 | 6870 | 7369 | |
| 278 | 946 | 1580 | 2115 | 2644 | 3162 | 6372 | 6871 | 7370 | |
| 279 | 947 | 1581 | 2116 | 2645 | 3163 | 6373 | 6872 | 7371 | |
| 280 | 948 | 1582 | 2117 | 2646 | 3166 | 6374 | 6873 | 7372 | |
| 281 | 950 | 1583 | 2118 | 2647 | 3167 | 6375 | 6874 | 7373 | |
| 283 | 951 | 1584 | 2119 | 2648 | 3169 | 6376 | 6875 | 7374 | |
| 284 | 952 | 1585 | 2120 | 2649 | 3171 | 6377 | 6876 | 7375 | |
| 285 | 957 | 1587 | 2121 | 2650 | 3172 | 6378 | 6877 | 7376 | |
| 286 | 958 | 1588 | 2122 | 2651 | 3173 | 6379 | 6878 | 7377 | |
| 287 | 959 | 1590 | 2123 | 2652 | 3175 | 6380 | 6879 | 7378 | |
| 288 | 960 | 1592 | 2124 | 2653 | 3176 | 6381 | 6880 | 7379 | |
| 290 | 961 | 1593 | 2125 | 2654 | 3177 | 6382 | 6881 | 7380 | |
| 292 | 962 | 1594 | 2126 | 2655 | 3180 | 6383 | 6882 | 7381 | |
| 293 | 963 | 1595 | 2127 | 2656 | 3181 | 6384 | 6883 | 7382 | |
| 294 | 964 | 1596 | 2128 | 2657 | 3183 | 6385 | 6884 | 7383 | |
| 295 | 965 | 1597 | 2129 | 2658 | 3184 | 6386 | 6885 | 7384 | |
| 296 | 966 | 1598 | 2130 | 2659 | 3188 | 6387 | 6886 | 7385 | |
| 297 | 967 | 1599 | 2131 | 2660 | 3190 | 6388 | 6887 | 7386 | |
| 298 | 968 | 1600 | 2132 | 2661 | 3194 | 6389 | 6888 | 7387 | |
| 299 | 969 | 1604 | 2133 | 2662 | 3196 | 6390 | 6889 | 7388 | |
| 300 | 970 | 1605 | 2134 | 2663 | 3198 | 6391 | 6890 | 7389 | |
| 301 | 971 | 1606 | 2135 | 2664 | 3199 | 6392 | 6891 | 7390 | |
| 302 | 972 | 1607 | 2136 | 2665 | 3201 | 6393 | 6892 | 7391 | |

【１３８２】

【表Ｄ１０－８】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 303 | 973 | 1608 | 2137 | 2666 | 3202 | 6394 | 6893 | 7392 | |
| 304 | 974 | 1610 | 2138 | 2667 | 3203 | 6395 | 6894 | 7393 | |
| 305 | 975 | 1611 | 2139 | 2668 | 3204 | 6396 | 6895 | 7394 | |
| 306 | 976 | 1612 | 2140 | 2669 | 3205 | 6397 | 6896 | 7395 | |
| 307 | 977 | 1616 | 2141 | 2670 | 3206 | 6398 | 6897 | 7396 | |
| 308 | 978 | 1617 | 2142 | 2671 | 3207 | 6399 | 6898 | 7397 | |
| 309 | 979 | 1618 | 2143 | 2672 | 3208 | 6400 | 6899 | 7398 | |
| 310 | 980 | 1619 | 2144 | 2673 | 3209 | 6401 | 6900 | 7399 | |
| 311 | 981 | 1620 | 2145 | 2674 | 3211 | 6402 | 6901 | 7400 | |
| 312 | 982 | 1621 | 2146 | 2675 | 3213 | 6403 | 6902 | 7401 | |
| 313 | 983 | 1622 | 2147 | 2676 | 3214 | 6404 | 6903 | 7402 | |
| 314 | 984 | 1623 | 2148 | 2677 | 3218 | 6405 | 6904 | 7403 | |
| 315 | 985 | 1624 | 2149 | 2678 | 3219 | 6406 | 6905 | 7404 | |
| 316 | 986 | 1625 | 2150 | 2679 | 3220 | 6407 | 6906 | 7405 | |
| 317 | 987 | 1626 | 2151 | 2680 | 3223 | 6408 | 6907 | 7406 | |
| 318 | 988 | 1627 | 2152 | 2681 | 3225 | 6409 | 6908 | 7407 | |
| 319 | 989 | 1628 | 2153 | 2682 | 3228 | 6410 | 6909 | 7408 | |
| 320 | 990 | 1629 | 2154 | 2683 | 3231 | 6411 | 6910 | 7409 | |
| 321 | 991 | 1630 | 2155 | 2684 | 3233 | 6412 | 6911 | 7410 | |
| 322 | 992 | 1631 | 2156 | 2685 | 3234 | 6413 | 6912 | 7411 | |
| 323 | 993 | 1632 | 2157 | 2686 | 3235 | 6414 | 6913 | 7412 | |
| 324 | 994 | 1633 | 2158 | 2687 | 3240 | 6415 | 6914 | 7413 | |
| 325 | 995 | 1634 | 2159 | 2688 | 3247 | 6416 | 6915 | 7414 | |
| 326 | 996 | 1635 | 2160 | 2689 | 3248 | 6417 | 6916 | 7415 | |
| 327 | 997 | 1636 | 2161 | 2690 | 3251 | 6418 | 6917 | 7416 | |
| 328 | 998 | 1637 | 2162 | 2691 | 3252 | 6419 | 6918 | 7417 | |
| 329 | 999 | 1638 | 2163 | 2692 | 3253 | 6420 | 6919 | 7418 | |
| 330 | 1000 | 1639 | 2164 | 2693 | 3254 | 6421 | 6920 | 7419 | |
| 331 | 1001 | 1640 | 2165 | 2694 | 3256 | 6422 | 6921 | 7420 | |
| 332 | 1002 | 1641 | 2166 | 2695 | 3259 | 6423 | 6922 | 7421 | |
| 333 | 1003 | 1642 | 2167 | 2696 | 3260 | 6424 | 6923 | 7422 | |
| 334 | 1004 | 1644 | 2168 | 2697 | 3261 | 6425 | 6924 | 7423 | |
| 335 | 1005 | 1645 | 2169 | 2698 | 3262 | 6426 | 6925 | 7424 | |
| 336 | 1006 | 1646 | 2170 | 2699 | 3263 | 6427 | 6926 | 7425 | |
| 337 | 1007 | 1647 | 2171 | 2700 | 3264 | 6428 | 6927 | 7426 | |
| 338 | 1008 | 1648 | 2172 | 2701 | 3265 | 6429 | 6928 | 7427 | |
| 339 | 1009 | 1649 | 2173 | 2702 | 3266 | 6430 | 6929 | 7428 | |
| 340 | 1010 | 1651 | 2174 | 2703 | 3268 | 6431 | 6930 | 7429 | |
| 341 | 1011 | 1652 | 2175 | 2704 | 3269 | 6432 | 6931 | 7430 | |
| 342 | 1012 | 1653 | 2176 | 2706 | 3270 | 6433 | 6932 | 7431 | |
| 343 | 1013 | 1654 | 2177 | 2708 | 3272 | 6434 | 6933 | 7432 | |

【１３８３】

【表Ｄ１０－９】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 344 | 1014 | 1655 | 2178 | 2709 | 3276 | 6435 | 6934 | 7433 | |
| 345 | 1015 | 1656 | 2179 | 2710 | 3277 | 6436 | 6935 | 7434 | |
| 346 | 1016 | 1657 | 2180 | 2711 | 3279 | 6437 | 6936 | 7435 | |
| 347 | 1017 | 1658 | 2181 | 2712 | 3282 | 6438 | 6937 | 7436 | |
| 348 | 1018 | 1659 | 2182 | 2713 | 3283 | 6439 | 6938 | 7437 | |
| 349 | 1019 | 1660 | 2183 | 2714 | 3286 | 6440 | 6939 | 7438 | |
| 350 | 1020 | 1661 | 2184 | 2715 | 3294 | 6441 | 6940 | 7439 | |
| 351 | 1021 | 1662 | 2185 | 2716 | 3296 | 6442 | 6941 | 7440 | |
| 352 | 1022 | 1663 | 2186 | 2717 | 3298 | 6443 | 6942 | 7441 | |
| 353 | 1023 | 1664 | 2187 | 2718 | 3299 | 6444 | 6943 | 7442 | |
| 354 | 1024 | 1665 | 2188 | 2719 | 3300 | 6445 | 6944 | 7443 | |
| 355 | 1025 | 1666 | 2189 | 2720 | 3302 | 6446 | 6945 | 7444 | |
| 356 | 1026 | 1667 | 2190 | 2721 | 3303 | 6447 | 6946 | 7445 | |
| 357 | 1027 | 1668 | 2191 | 2722 | 3305 | 6448 | 6947 | 7446 | |
| 358 | 1028 | 1669 | 2192 | 2723 | 3306 | 6449 | 6948 | 7447 | |
| 359 | 1029 | 1670 | 2193 | 2724 | 3310 | 6450 | 6949 | 7448 | |
| 360 | 1030 | 1671 | 2194 | 2725 | 3313 | 6451 | 6950 | 7449 | |
| 361 | 1031 | 1672 | 2195 | 2726 | 3315 | 6452 | 6951 | 7450 | |
| 362 | 1032 | 1673 | 2196 | 2727 | 3316 | 6453 | 6952 | 7451 | |
| 363 | 1033 | 1674 | 2197 | 2728 | 3317 | 6454 | 6953 | 7452 | |
| 364 | 1034 | 1675 | 2198 | 2729 | 3318 | 6455 | 6954 | 7453 | |
| 365 | 1035 | 1676 | 2199 | 2730 | 3323 | 6456 | 6955 | 7454 | |
| 366 | 1036 | 1677 | 2200 | 2731 | 3326 | 6457 | 6956 | 7455 | |
| 367 | 1037 | 1678 | 2201 | 2732 | 3329 | 6458 | 6957 | 7456 | |
| 368 | 1038 | 1679 | 2202 | 2733 | 4501 | 6459 | 6958 | 7457 | |
| 369 | 1039 | 1680 | 2203 | 2734 | 4502 | 6460 | 6959 | 7458 | |
| 370 | 1040 | 1681 | 2204 | 2735 | 4503 | 6461 | 6960 | 7459 | |
| 371 | 1041 | 1682 | 2205 | 2736 | 4504 | 6462 | 6961 | 7460 | |
| 372 | 1042 | 1683 | 2206 | 2737 | 4505 | 6463 | 6962 | 7461 | |
| 373 | 1043 | 1684 | 2207 | 2738 | 4506 | 6464 | 6963 | 7462 | |
| 374 | 1044 | 1685 | 2208 | 2739 | 4507 | 6465 | 6964 | 7463 | |
| 375 | 1045 | 1686 | 2209 | 2740 | 4508 | 6466 | 6965 | 7464 | |
| 376 | 1046 | 1687 | 2210 | 2741 | 4509 | 6467 | 6966 | 7465 | |
| 377 | 1047 | 1688 | 2211 | 2742 | 4510 | 6468 | 6967 | 7466 | |
| 378 | 1048 | 1689 | 2212 | 2743 | 4511 | 6469 | 6968 | 7467 | |
| 379 | 1049 | 1690 | 2213 | 2744 | 4512 | 6470 | 6969 | 7468 | |
| 380 | 1050 | 1691 | 2214 | 2745 | 4513 | 6471 | 6970 | 7469 | |
| 381 | 1051 | 1692 | 2215 | 2746 | 4514 | 6472 | 6971 | 7470 | |
| 382 | 1052 | 1693 | 2218 | 2747 | 4515 | 6473 | 6972 | 7471 | |
| 383 | 1053 | 1694 | 2219 | 2748 | 4516 | 6474 | 6973 | 7472 | |
| 384 | 1054 | 1695 | 2220 | 2749 | 4517 | 6475 | 6974 | 7473 | |

【１３８４】

【表Ｄ１０－１０】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 385 | 1055 | 1696 | 2222 | 2750 | 4518 | 6476 | 6975 | 7474 | |
| 386 | 1056 | 1697 | 2223 | 2751 | 4519 | 6477 | 6976 | 7475 | |
| 387 | 1057 | 1698 | 2224 | 2752 | 4520 | 6478 | 6977 | 7476 | |
| 388 | 1058 | 1699 | 2225 | 2753 | 4521 | 6479 | 6978 | 7477 | |
| 389 | 1059 | 1700 | 2226 | 2754 | 4522 | 6480 | 6979 | 7478 | |
| 390 | 1060 | 1701 | 2227 | 2755 | 4523 | 6481 | 6980 | 7479 | |
| 391 | 1061 | 1702 | 2228 | 2756 | 4524 | 6482 | 6981 | 7480 | |
| 392 | 1062 | 1703 | 2229 | 2757 | 4525 | 6483 | 6982 | 7481 | |
| 393 | 1063 | 1704 | 2230 | 2758 | 4526 | 6484 | 6983 | 7482 | |
| 394 | 1064 | 1705 | 2231 | 2759 | 4527 | 6485 | 6984 | 7483 | |
| 395 | 1065 | 1706 | 2232 | 2760 | 4528 | 6486 | 6985 | 7484 | |
| 396 | 1066 | 1707 | 2233 | 2761 | 4529 | 6487 | 6986 | 7485 | |
| 397 | 1067 | 1708 | 2234 | 2762 | 4530 | 6488 | 6987 | 7486 | |
| 398 | 1068 | 1709 | 2235 | 2763 | 4531 | 6489 | 6988 | 7487 | |
| 399 | 1069 | 1710 | 2236 | 2764 | 4532 | 6490 | 6989 | 7488 | |
| 400 | 1070 | 1711 | 2237 | 2765 | 4533 | 6491 | 6990 | 7489 | |
| 401 | 1071 | 1712 | 2238 | 2766 | 4534 | 6492 | 6991 | 7490 | |
| 402 | 1072 | 1713 | 2239 | 2767 | 4535 | 6493 | 6992 | 7491 | |
| 403 | 1073 | 1714 | 2240 | 2768 | 4536 | 6494 | 6993 | 7492 | |
| 404 | 1074 | 1715 | 2241 | 2769 | 4537 | 6495 | 6994 | 7493 | |
| 405 | 1075 | 1716 | 2242 | 2770 | 4538 | 6496 | 6995 | 7494 | |
| 406 | 1076 | 1717 | 2243 | 2771 | 4539 | 6497 | 6996 | 7495 | |
| 407 | 1077 | 1718 | 2244 | 2772 | 4540 | 6498 | 6997 | 7496 | |
| 408 | 1078 | 1719 | 2245 | 2773 | 4541 | 6499 | 6998 | 7497 | |
| 409 | 1079 | 1720 | 2246 | 2774 | 6001 | 6500 | 6999 | 7498 | |
| 410 | 1080 | 1721 | 2247 | 2775 | 6002 | 6501 | 7000 | 7499 | |
| 413 | 1081 | 1722 | 2248 | 2776 | 6003 | 6502 | 7001 | 7500 | |
| 415 | 1082 | 1723 | 2249 | 2777 | 6004 | 6503 | 7002 | 7501 | |
| 416 | 1083 | 1724 | 2250 | 2778 | 6005 | 6504 | 7003 | 7502 | |
| 419 | 1084 | 1725 | 2251 | 2779 | 6006 | 6505 | 7004 | 7503 | |
| 420 | 1085 | 1726 | 2252 | 2780 | 6007 | 6506 | 7005 | 7504 | |
| 421 | 1086 | 1727 | 2253 | 2781 | 6008 | 6507 | 7006 | 7505 | |
| 423 | 1087 | 1728 | 2254 | 2782 | 6009 | 6508 | 7007 | 7506 | |
| 424 | 1088 | 1729 | 2255 | 2783 | 6010 | 6509 | 7008 | 7507 | |
| 426 | 1089 | 1730 | 2256 | 2784 | 6011 | 6510 | 7009 | 7508 | |
| 427 | 1090 | 1731 | 2257 | 2785 | 6012 | 6511 | 7010 | 7509 | |
| 428 | 1091 | 1733 | 2259 | 2786 | 6013 | 6512 | 7011 | 7510 | |
| 429 | 1092 | 1734 | 2260 | 2787 | 6014 | 6513 | 7012 | 7511 | |
| 432 | 1093 | 1735 | 2261 | 2788 | 6015 | 6514 | 7013 | 7512 | |
| 433 | 1094 | 1736 | 2262 | 2789 | 6016 | 6515 | 7014 | 7513 | |
| 437 | 1095 | 1737 | 2263 | 2790 | 6017 | 6516 | 7015 | 7514 | |

【１３８５】

【表Ｄ１０－１１】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 438 | 1096 | 1738 | 2264 | 2791 | 6018 | 6517 | 7016 | 7515 | |
| 441 | 1097 | 1739 | 2265 | 2792 | 6019 | 6518 | 7017 | 7516 | |
| 443 | 1103 | 1740 | 2266 | 2793 | 6020 | 6519 | 7018 | 7517 | |
| 446 | 1110 | 1741 | 2268 | 2794 | 6021 | 6520 | 7019 | 7518 | |
| 449 | 1115 | 1742 | 2270 | 2795 | 6022 | 6521 | 7020 | 7519 | |
| 450 | 1116 | 1743 | 2271 | 2796 | 6023 | 6522 | 7021 | 7520 | |
| 452 | 1117 | 1744 | 2272 | 2797 | 6024 | 6523 | 7022 | 7521 | |
| 460 | 1118 | 1745 | 2273 | 2798 | 6025 | 6524 | 7023 | 7522 | |
| 461 | 1119 | 1746 | 2274 | 2799 | 6026 | 6525 | 7024 | 7523 | |
| 462 | 1120 | 1747 | 2275 | 2800 | 6027 | 6526 | 7025 | 7524 | |
| 464 | 1121 | 1748 | 2276 | 2801 | 6028 | 6527 | 7026 | 7525 | |
| 465 | 1122 | 1750 | 2277 | 2802 | 6029 | 6528 | 7027 | 7526 | |
| 469 | 1123 | 1751 | 2278 | 2803 | 6030 | 6529 | 7028 | 7527 | |
| 470 | 1124 | 1752 | 2279 | 2804 | 6031 | 6530 | 7029 | 7528 | |
| 472 | 1126 | 1753 | 2280 | 2805 | 6032 | 6531 | 7030 | 7529 | |
| 474 | 1127 | 1754 | 2281 | 2806 | 6033 | 6532 | 7031 | 7530 | |
| 475 | 1129 | 1755 | 2282 | 2807 | 6034 | 6533 | 7032 | 7531 | |
| 476 | 1131 | 1756 | 2283 | 2808 | 6035 | 6534 | 7033 | 7532 | |
| 480 | 1134 | 1757 | 2286 | 2809 | 6036 | 6535 | 7034 | 7533 | |
| 481 | 1136 | 1758 | 2287 | 2810 | 6037 | 6536 | 7035 | 7534 | |
| 483 | 1137 | 1759 | 2288 | 2811 | 6038 | 6537 | 7036 | 7535 | |
| 484 | 1138 | 1760 | 2289 | 2812 | 6039 | 6538 | 7037 | 7536 | |
| 486 | 1139 | 1761 | 2291 | 2813 | 6040 | 6539 | 7038 | 7537 | |
| 488 | 1140 | 1762 | 2292 | 2814 | 6041 | 6540 | 7039 | 7538 | |
| 489 | 1141 | 1764 | 2293 | 2815 | 6042 | 6541 | 7040 | 7539 | |
| 495 | 1142 | 1765 | 2294 | 2816 | 6043 | 6542 | 7041 | 7540 | |
| 498 | 1143 | 1766 | 2295 | 2817 | 6044 | 6543 | 7042 | 7541 | |
| 499 | 1144 | 1767 | 2299 | 2818 | 6045 | 6544 | 7043 | 7542 | |
| 502 | 1145 | 1768 | 2300 | 2819 | 6046 | 6545 | 7044 | 7543 | |
| 503 | 1146 | 1769 | 2301 | 2820 | 6047 | 6546 | 7045 | 7544 | |
| 504 | 1147 | 1770 | 2302 | 2821 | 6048 | 6547 | 7046 | 7545 | |
| 510 | 1148 | 1771 | 2303 | 2822 | 6049 | 6548 | 7047 | 7546 | |
| 517 | 1149 | 1772 | 2304 | 2823 | 6050 | 6549 | 7048 | 7547 | |
| 519 | 1150 | 1773 | 2305 | 2824 | 6051 | 6550 | 7049 | 7548 | |
| 522 | 1151 | 1774 | 2306 | 2825 | 6052 | 6551 | 7050 | 7549 | |
| 523 | 1152 | 1775 | 2307 | 2826 | 6053 | 6552 | 7051 | 7550 | |
| 524 | 1153 | 1776 | 2308 | 2827 | 6054 | 6553 | 7052 | 7551 | |
| 527 | 1154 | 1777 | 2309 | 2828 | 6055 | 6554 | 7053 | 7552 | |
| 528 | 1155 | 1778 | 2310 | 2829 | 6056 | 6555 | 7054 | 7553 | |
| 532 | 1156 | 1779 | 2311 | 2830 | 6057 | 6556 | 7055 | 7554 | |
| 534 | 1157 | 1780 | 2312 | 2831 | 6058 | 6557 | 7056 | 7555 | |

【１３８６】

【表Ｄ１０－１２】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 535 | 1158 | 1781 | 2313 | 2832 | 6059 | 6558 | 7057 | 7556 | |
| 536 | 1159 | 1782 | 2314 | 2833 | 6060 | 6559 | 7058 | 7557 | |
| 537 | 1160 | 1783 | 2315 | 2834 | 6061 | 6560 | 7059 | 7558 | |
| 538 | 1161 | 1784 | 2316 | 2835 | 6062 | 6561 | 7060 | 7559 | |
| 539 | 1162 | 1785 | 2317 | 2836 | 6063 | 6562 | 7061 | 7560 | |
| 540 | 1163 | 1786 | 2318 | 2837 | 6064 | 6563 | 7062 | 7561 | |
| 541 | 1164 | 1787 | 2319 | 2838 | 6065 | 6564 | 7063 | 7562 | |
| 542 | 1165 | 1788 | 2320 | 2839 | 6066 | 6565 | 7064 | 7563 | |
| 543 | 1166 | 1789 | 2321 | 2840 | 6067 | 6566 | 7065 | 7564 | |
| 544 | 1167 | 1790 | 2322 | 2841 | 6068 | 6567 | 7066 | 7565 | |
| 545 | 1168 | 1791 | 2323 | 2842 | 6069 | 6568 | 7067 | 7566 | |
| 546 | 1169 | 1792 | 2324 | 2843 | 6070 | 6569 | 7068 | 7567 | |
| 547 | 1170 | 1793 | 2325 | 2844 | 6071 | 6570 | 7069 | 7568 | |
| 548 | 1171 | 1794 | 2326 | 2845 | 6072 | 6571 | 7070 | 7569 | |
| 549 | 1172 | 1795 | 2327 | 2846 | 6073 | 6572 | 7071 | 7570 | |
| 550 | 1173 | 1796 | 2328 | 2847 | 6074 | 6573 | 7072 | 7571 | |
| 553 | 1174 | 1797 | 2329 | 2848 | 6075 | 6574 | 7073 | 7572 | |
| 554 | 1176 | 1799 | 2330 | 2849 | 6076 | 6575 | 7074 | 7573 | |
| 555 | 1177 | 1800 | 2331 | 2850 | 6077 | 6576 | 7075 | 7574 | |
| 556 | 1178 | 1801 | 2332 | 2851 | 6078 | 6577 | 7076 | 7575 | |
| 557 | 1179 | 1802 | 2333 | 2852 | 6079 | 6578 | 7077 | 7576 | |
| 558 | 1181 | 1803 | 2334 | 2853 | 6080 | 6579 | 7078 | 7577 | |
| 559 | 1182 | 1804 | 2335 | 2854 | 6081 | 6580 | 7079 | 7578 | |
| 560 | 1184 | 1805 | 2336 | 2855 | 6082 | 6581 | 7080 | 7579 | |
| 561 | 1185 | 1806 | 2337 | 2856 | 6083 | 6582 | 7081 | 7580 | |
| 562 | 1186 | 1808 | 2338 | 2857 | 6084 | 6583 | 7082 | 7581 | |
| 563 | 1187 | 1809 | 2339 | 2858 | 6085 | 6584 | 7083 | 7582 | |
| 564 | 1188 | 1810 | 2340 | 2859 | 6086 | 6585 | 7084 | 7583 | |
| 565 | 1190 | 1811 | 2341 | 2860 | 6087 | 6586 | 7085 | 7584 | |
| 566 | 1193 | 1812 | 2342 | 2861 | 6088 | 6587 | 7086 | 7585 | |
| 567 | 1195 | 1813 | 2343 | 2862 | 6089 | 6588 | 7087 | 7586 | |
| 568 | 1196 | 1815 | 2344 | 2863 | 6090 | 6589 | 7088 | 7587 | |
| 569 | 1197 | 1816 | 2345 | 2864 | 6091 | 6590 | 7089 | 7588 | |
| 570 | 1198 | 1817 | 2346 | 2865 | 6092 | 6591 | 7090 | 7589 | |
| 571 | 1199 | 1818 | 2347 | 2866 | 6093 | 6592 | 7091 | 7590 | |
| 572 | 1200 | 1819 | 2348 | 2867 | 6094 | 6593 | 7092 | 7591 | |
| 575 | 1201 | 1823 | 2349 | 2868 | 6095 | 6594 | 7093 | 7592 | |
| 580 | 1202 | 1824 | 2350 | 2869 | 6096 | 6595 | 7094 | 7593 | |
| 581 | 1203 | 1825 | 2351 | 2870 | 6097 | 6596 | 7095 | 7594 | |
| 583 | 1204 | 1827 | 2352 | 2871 | 6098 | 6597 | 7096 | 7595 | |
| 584 | 1205 | 1828 | 2353 | 2872 | 6099 | 6598 | 7097 | 7596 | |

【１３８７】

【表Ｄ１０－１３】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 585 | 1206 | 1829 | 2354 | 2873 | 6100 | 6599 | 7098 | 7597 | |
| 586 | 1207 | 1831 | 2355 | 2874 | 6101 | 6600 | 7099 | 7598 | |
| 587 | 1208 | 1832 | 2356 | 2875 | 6102 | 6601 | 7100 | 7599 | |
| 588 | 1209 | 1834 | 2357 | 2876 | 6103 | 6602 | 7101 | 7600 | |
| 589 | 1210 | 1835 | 2358 | 2877 | 6104 | 6603 | 7102 | 7601 | |
| 590 | 1211 | 1838 | 2359 | 2878 | 6105 | 6604 | 7103 | 7602 | |
| 591 | 1212 | 1840 | 2360 | 2879 | 6106 | 6605 | 7104 | 7603 | |
| 592 | 1213 | 1842 | 2361 | 2880 | 6107 | 6606 | 7105 | 7604 | |
| 593 | 1214 | 1843 | 2362 | 2881 | 6108 | 6607 | 7106 | 7605 | |
| 594 | 1215 | 1844 | 2363 | 2882 | 6109 | 6608 | 7107 | 7606 | |
| 595 | 1216 | 1845 | 2364 | 2883 | 6110 | 6609 | 7108 | 7607 | |

【１３８８】

この実施例における結果が実証するように、表１０に示されるものから選択されるリンカー及びスクリーニングされる３５のＲＴファミリーのうち、１７のレトロウイルスＲＴファミリーからのＲＴを組み合わせた遺伝子組換えポリペプチドが、ＤＮＡとして試験細胞に送達されるとき、遺伝子編集活性を有する。

【１３８９】

実施例４：プールスクリーンにおける編集活性に対するＲＴドメイン突然変異の影響の評価

実施例３からのライブラリーを用いたプールスクリーンデータを、候補遺伝子組換えポリペプチド編集活性に対する、ＲＴファミリー内の及びＲＴファミリーにわたる突然変異の影響を評価するために、更に分析した。ＲＴファミリーは、ＲＴドメインの野生型配列と比べて、マウス白血病ウイルス逆転写酵素の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３に対応する位置に１つ又は複数の置換を含むＲＴドメインを含んでいた。特定の理論に束縛されることは意図しないが、これらの位置の１つ又は複数に対応する位置における置換が、ＲＴドメイン及び／又はそれを含む遺伝子組換えポリペプチドの安定性（例えば、熱安定性）及び／又は編集活性を改善し得ると考えられる。試験される突然変異の特定の組合せは、表２に列挙されるものを含んでいた。

【１３９０】

図８Ａ～８Ｆ、９Ａ～９Ｈ、及び１０Ａ～１０Ｃは、ＲＴ変異体（Ｘ軸）及びＲＴファミリー（各ボックス）によって分類される候補遺伝子組換えポリペプチドについての平均Ｚスコアのグラフを示す。

【１３９１】

図８Ａ～８Ｆは、いくつかのＲＴファミリー（ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、及びＧＡＬＶ）について、突然変異を有さないＲＴ変異体を含む遺伝子組換えポリペプチド候補が、陰性又はほぼ０の平均Ｚスコアを有する一方、特定の部位に１つ又は複数の突然変異を有するＲＴ変異体を含むものが、置換される位置の数と共に増加する陽性平均Ｚスコアを有することを示す。これらの結果は、編集活性を安定／増加させると見られる位置の１つ又は複数における突然変異が、これらのファミリーのＲＴドメインを補助して、活性な、又は置換を欠くＲＴを有する遺伝子候補と比べてより活性な候補遺伝子組換えポリペプチドをもたらすことを示す。

【１３９２】

図９Ａ～９Ｈは、いくつかのＲＴファミリー（ＫＯＲＶ、ＡＶＩＲＥ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６）について、突然変異を有さないＲＴ変異体を含む遺伝子組換えポリペプチド候補が、陽性平均Ｚスコアを有し、特定の部位に１つ又は複数の突然変異を有するＲＴ変異体を含むものが、置換される位置

の数と共に増加するより高い平均Ｚスコアを有することを示す。これらの結果は、試験されるＲＴファミリーのうち、８つについて、編集活性を安定／増加させると見られる位置の１つ又は複数における突然変異が、これらのファミリーにおける既に活性なＲＴドメインの活性を更に改善して、より活性な候補遺伝子組換えポリペプチドをもたらすことを示す。

【１３９３】

図１０Ａ～１０Ｃは、実施例３において編集活性を示すいくつかのＲＴファミリー（ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、及びＦＦＶ）について、突然変異を有さないＲＴ変異体を含む遺伝子組換えポリペプチド候補が、特定の部位に１つ又は複数の突然変異を有するＲＴ変異体を含むものと同様の平均Ｚスコアを有し、又は置換される位置の数と共に減少するより低い平均Ｚスコアを有することを示す。これらの結果は、いくつかの編集活性ＲＴファミリーについて、編集活性を安定／増加させると見られる位置の１つ又は複数における突然変異が、編集活性に対する影響を全く若しくはほとんど有さないか、又は遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を低下させることから明らかなように、突然変異の影響が予測可能でないことを示す。

【１３９４】

これらの結果は、マウス白血病ウイルス逆転写酵素の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３に対応する１つ又は複数の位置におけるＲＴドメイン突然変異が、特定のＲＴファミリーに由来する遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を増加させ得、他のＲＴファミリーではそうではないことを実証する。特に、ＲＴファミリーＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＡＶＩＲＥ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６のＲＴドメインを含有する候補遺伝子組換えポリペプチドの編集活性は、列挙される位置における置換によって増加され、ＲＴ変異体における置換が多くなるほど、編集活性の増加が多くなる。置換が編集活性を改善した、実施例３において活性であると同定されたＲＴファミリーはほぼ全て、ガンマレトロウイルスに由来し、１つのガンマレトロウイルスＲＴファミリー（ＰＥＲＶ）が、置換からの編集活性に対する影響を示さなかった。置換が編集活性と負に相関した、実施例３において活性であると同定されたＲＴファミリーの両方は、スプマウイルス（Ｓｐｕｍａｖｉｒｕｓ）ＲＴであった。

【１３９５】

実施例５：プールスクリーンにおける編集活性に対する異なるリンカーの影響の評価

実施例３からのライブラリーを用いたプールスクリーンデータを、候補遺伝子組換えポリペプチド編集活性に対する、ＲＴファミリー内の及びＲＴファミリーにわたる異なるリンカーの影響を評価するために更に分析した。

【１３９６】

図１１は、選択されたリンカーのためのリンカー（Ｙ軸）によって分類される候補遺伝子組換えポリペプチドについての平均Ｚスコアのグラフを示し、線は、最も高い性能のリンカーからの平均及び標準誤差を示している。結果は、ＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡＬＥＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡ（配列番号１１，０４１）リンカーを含有する候補遺伝子組換えポリペプチドが、一貫して高い編集活性を示すことを示す。結果は、いくつかのリンカー、例えば、表Ａ２に列挙されるものが、試験されるいくつかの他のリンカーより高い編集活性を示すことを更に示唆する。

【１３９７】

【表Ａ２】

表A2: 例示的なリンカー

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,041 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,042 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 11,043 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,044 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,045 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 11,046 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,047 |
| SGSETPGTSESATPES | 11,048 |
| PAPAPAPAPAPAP | 11,049 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 11,050 |

【１３９８】

実施例６：ＲＮＡ形態でいくつかのモデルシステムに送達される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性の特性決定

図１２Ａ～１２Ｄは、異なる実験モデルシステムにおいてＲＮＡとして送達される４つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性のグラフを示し、各遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡＬＥＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡ（配列番号１１，０４１）リンカーを含む。例示的な遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列は、以下の表に示される。

【１３９９】

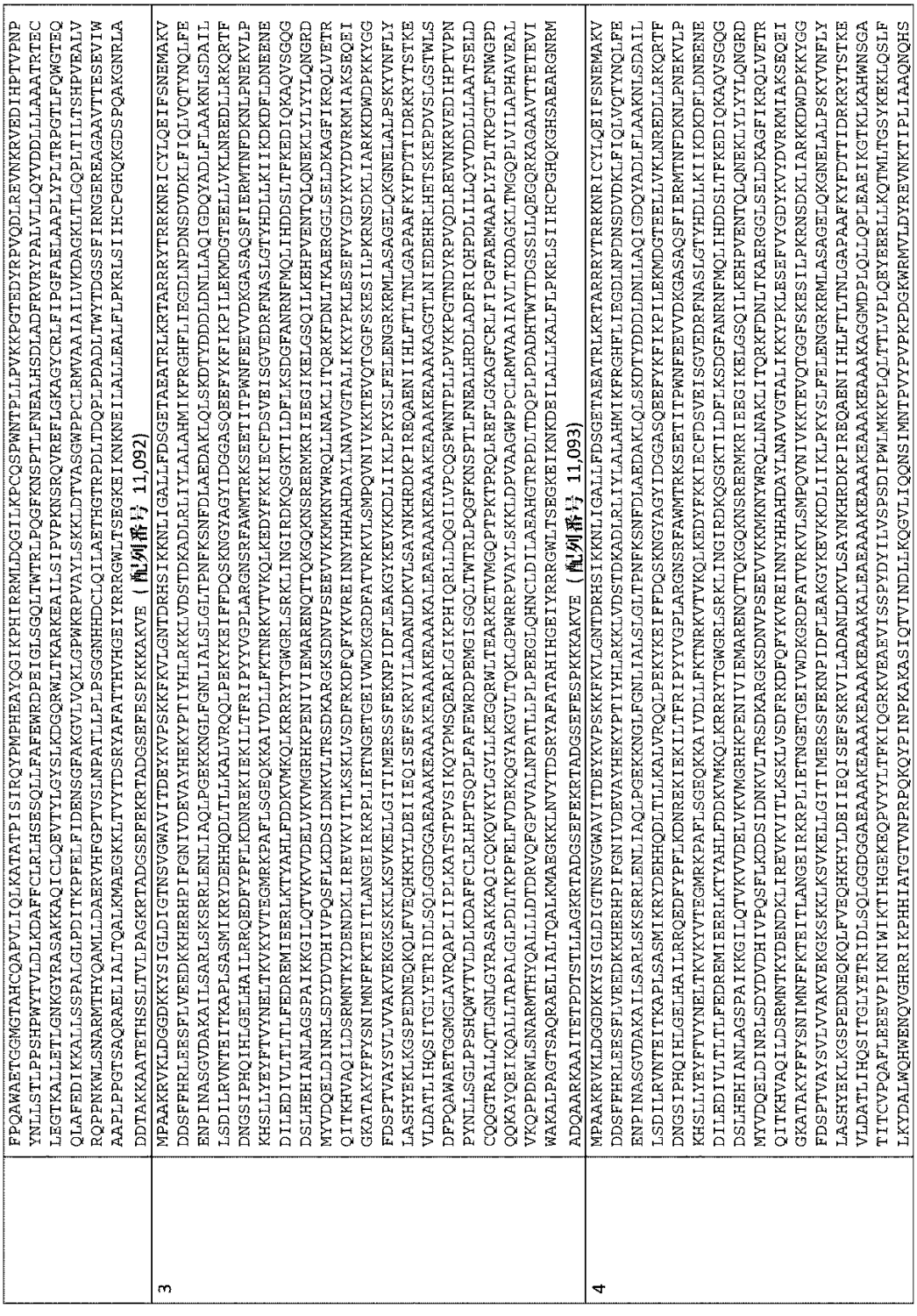
【表Ａ３－１】

表A3: 例示的な遺伝子組換えポリペプチド

| 例示的な遺伝子組換えポリペプチド | 完全なAA配列 |
|---|---|
| 1 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV<br>DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE<br>ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL<br>LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF<br>DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP<br>KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE<br>DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG<br>DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD<br>MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR<br>QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI<br>GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG<br>FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY<br>LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE<br>VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKR<br>EIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPN<br>PYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAA<br>CLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGE<br>KEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEIITSSHNLES<br>LLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRVAGAAVVTLDS<br>VIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGN<br>RRADEVARSVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE (配列番号 11,091) |
| 2 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV<br>DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE<br>ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL<br>LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF<br>DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP<br>KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE<br>DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG<br>DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD<br>MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR<br>QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI<br>GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG<br>FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY<br>LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE<br>VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKN |

【１４００】

【表Ａ３－２】



| | |
|---|---|
| | FPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNP |
| | YNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTEC |
| | LEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTSQ |
| | QLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALV |
| | RQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIW |
| | AAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLA |
| | DDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE（配列番号 11,092） |
| 3 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV |
| | DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE |
| | ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL |
| | LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF |
| | DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP |
| | KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE |
| | DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG |
| | DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD |
| | MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR |
| | QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI |
| | GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG |
| | FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY |
| | LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE |
| | VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKPAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPN |
| | PYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELD |
| | CQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPD |
| | QQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEAL |
| | VKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVI |
| | WAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRM |
| | ADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE（配列番号 11,093） |
| 4 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV |
| | DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE |
| | ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL |
| | LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF |
| | DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP |
| | KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE |
| | DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG |
| | DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD |
| | MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR |
| | QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI |
| | GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG |
| | FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY |
| | LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE |
| | VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSLF |
| | TITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLF |
| | LKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVTNDLLKQGVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHS |

【１４０１】

【表Ａ３－３】

| |
|---|
| AGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAPTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVVVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLN |
| AGVVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISML |
| NSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEPAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPI |
| RWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVE |
| FACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKR |
| TADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE（配列番号 11,094） |

【１４０２】

本明細書に記載されるように（図１２Ａ）、ＢＦＰランディングパッドを含むＵ２ＯＳ細胞（ＨＥＫ２９３Ｔ細胞について実施例１に記載される）を、ＢＦＰをＧＦＰに変換するように設計された鋳型ＲＮＡと共に例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡでヌクレオフェクトした。ＧＦＰ陽性細胞（問題なく編集された）及びＢＦＰ陽性細胞（非編集細胞）の相対量を、フローサイトメトリーによって決定し、それを用いて、この実験システムにおける遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を決定した。結果は、４つ全ての例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、高い編集活性を示したことを示した（約６０％～８５％超）。

【１４０３】
Ｕ２ＯＳ細胞を、ＨＥＫ３遺伝子座を編集するように設計された鋳型ＲＮＡ及び第２鎖標的化ｇＲＮＡと共に例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡでヌクレオフェクトした（図１２Ｂ）。編集を、標的遺伝子座に対して特異的なプライマーを用いたアンプリコン配列決定によって確認した。結果は、４つ全ての例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、ＨＥＫ３遺伝子座における編集活性を示したことを示した（約１％～約５％）。
【１４０４】
初代マウス肝細胞を、第２鎖標的化ｇＲＮＡ及び野生型マウス初代肝細胞内の内因性Ｆａｈ遺伝子座においてＧヌクレオチドをＡヌクレオチドに変換するように設計された鋳型ＲＮＡと共に例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡでヌクレオフェクトした（図１２Ｃ）。Ｆａｈ遺伝子のエクソン８の最後のヌクレオチドにおける突然変異は、Ｆａｈタンパク質の生成なしで、異常なｍＲＮＡスプライシング及びその後のｍＲＮＡ分解をもたらし、従って遺伝性チロシン血症Ｉ型のマウスモデルとして用いられ；ＧからＡへの前記ヌクレオチドの編集は、マウスモデルの関連遺伝子座を標的とする遺伝子組換えシステムの能力を実証する。編集を、マウスＦａｈ標的遺伝子座に対して特異的なプライマーを用いたアンプリコン配列決定によって確認した。結果は、４つのうち、３つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、マウスＦａｈ遺伝子座における編集活性を示したことを示した（約６％～約９％）。
【１４０５】
例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡ及び鋳型ＲＮＡを含む遺伝子組換えシステムを、ＬＮＰ中で配合し、Ｆａｈ５９８１ＳＢマウスに送達した（図１２Ｄ）。鋳型ＲＮＡは、マウス肝臓中の内因性Ｆａｈ遺伝子座中のＦａｈ５９８１ＳＢマウスモデルにおいてＡヌクレオチドをＧヌクレオチドに変換するように設計された。Ｆａｈ５９８１ＳＢマウスモデルは、Ｆａｈ遺伝子のエクソン８の最後のヌクレオチドにおけるＧからＡへの点突然変異を有し、これは、Ｆａｈタンパク質の生成なしで、異常なｍＲＮＡスプライシング及びその後のｍＲＮＡ分解をもたらし、遺伝性チロシン血症Ｉ型のマウスモデルとして用いられる。具体的には、１：１（ｗ／ｗ）の鋳型ＲＮＡ及びｍＲＮＡで組み合わされた、ＬＮＰ中で配合された２ｍｇ／ｋｇの全ＲＮＡ当量を、７～９週齢の性別混合Ｆａｈ５９８１ＳＢマウスの静脈内に投与した。投与の６日後、動物を殺処分し、その肝臓を分析のために採取した。遺伝子編集活性を分析するために、標的挿入部位遺伝子座に隣接するプライマーを用いて、投与の６日後に採取された肝臓サンプルのゲノムＤＮＡ中の遺伝子座にわたって増幅した。アンプリコンを、Ｉｌｌｕｍｉｎａ ＭｉＳｅｑを用いたショートリード配列決定によって分析した。ＡヌクレオチドからＧヌクレオチドへの変換は、成功した編集を示す。結果は、４つのうち、３つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、マウス肝臓においてインビボで編集活性を示したことを示した（約１．２％～約６％）。
【１４０６】
総合すると、図１２Ａ～１２Ｄは、いくつかの例示的な遺伝子組換えポリペプチドのＲＮＡ送達が、異なる標的遺伝子座にわたって、異なる細胞型で、及び治療的に関連する遺伝子座においてインビボで有意な編集活性を達成し得ることを示す。更に、結果は、遺伝子組換えポリペプチドにおいて特に有効であると実施例５に示される、ＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡＬＥＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡ（配列番号１１，０４１）リンカーを含む例示的な遺伝子組換えポリペプチドを用いて、異なる標的遺伝子座にわたって、異なる細胞型で、及び治療的に関連する遺伝子座においてインビボで有意な編集活性を達成し得ることを更に実証する。更に、結果は、ＳＳＦＶ、ＭＭＬＶ、ＡＶＩＲＥ又はＳＳＶ　ＲＴファミリーからのＲＴドメインを含む例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、異なる標的遺伝子座にわたって、異なる細胞型で、及び治療的に関連する遺伝子座においてインビボで編集活性を達成し得ることを更に実証する。
【１４０７】

実施例７：３９の高性能の例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性の特性決定

この実施例は、プールされたＲＴファミリー実験における性能に基づいて先の実施例において同定されたものから選択される３９の例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択の編集活性の特性決定を説明する。上述されるように、各遺伝子組換えポリペプチドは、逆転写酵素（ＲＴ）に連結されたＣａｓ９を含有する。具体的には、この実施例は、個々の遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を評価する手段としての、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡが、逆転写され、ゲノムに組み込まれ、哺乳動物細胞内で安定的に発現されるような、レンチウイルス形質導入による哺乳動物細胞への遺伝子組換えポリペプチドの導入、続いて、インビトロ編集のための鋳型ガイドＲＮＡのトランスフェクションを説明する。

【１４０８】

この実施例では、例示的な遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓ９ドメインに融合されるリンカー及びＲＴドメインの以下の組合せを含んでいた。

【１４０９】

【表５８４】

| グラフID | リンカーアミノ酸配列 | 配列番号 | RT変異体名 |
|---|---|---|---|
| 10373 | PAPGGSGGG | 11,051 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 13642 | GSSEAAAKGGG | 11,052 | MLVAV_P03356_3mutA |

【１４１０】

【表５８５】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 12793 | EAAAKPAPGGS | 11,053 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 13522 | GSSGGGEAAAK | 11,054 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 16382 | PAPGSSEAAAK | 11,055 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 9438 | GGGEAAAKGGS | 11,056 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 16661 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,057 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 5077 | PAPAPAPAPAPAP | 11,058 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 14944 | GGGEAAAKPAP | 11,059 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 15953 | GSSPAPEAAAK | 11,060 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 5082 | PAPAPAPAPAPAP | 11,061 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 13233 | GGGGSSEAAAK | 11,062 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 5071 | PAPAPAPAPAPAP | 11,063 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 17380 | SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 11,064 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 12507 | GGSPAPEAAAK | 11,065 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 4213 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,066 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 12438 | GGSEAAAKPAP | 11,067 | WMSV_P03359_3mutA |
| 16591 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,068 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 3927 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,069 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 16664 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,070 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 12807 | EAAAKPAPGGS | 11,071 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1576 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,072 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 1646 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,073 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 14586 | GSSPAPGGG | 11,074 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 14652 | PAPGGGGSS | 11,075 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 1353 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,076 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 9370 | GGGEAAAKGGS | 11,077 | MLVMS_P03355_3mut |
| 6831 | EAAAKGGG | 11,078 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 12513 | GGSPAPEAAAK | 11,079 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 15021 | GGGPAPEAAAK | 11,080 | BAEVM_P10272_3mutA |
| 8576 | GGGGSSGGS | 11,081 | WMSV_P03359_3mut |

【１４１１】

【表５８６】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 16609 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAK EAAAKEAAAKEAAAKA | 11,082 | FLV_P10273_3mutA |
| 12691 | EAAAKGGSPAP | 11,083 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 15894 | GSSPAPEAAAK | 11,084 | FLV_P10273_3mutA |
| 14924 | GGGEAAAKPAP | 11,085 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| 16704 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKE AAAKEAAAKEAAAKA | 11,086 | SFV1_P23074_2mutA |
| 4925 | PAPAPAPAPAP | 11,087 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| 11771 | GSSGGSPAP | 11,088 | HTLV2_P03363 |
| 707 | GGSGGSGGSGGSGGS | 11,089 | WDSV_O92815 |

【１４１２】

例示的な遺伝子組換えポリペプチドを、ｍＲＮＡのトランスフェクションにより、ＢＦＰ発現ゲノムランディングパッドを担持するＨＥＫ２９３Ｔ細胞に導入した。遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を決定するために、遺伝子組換えポリペプチドを含有するＢＦＰ発現細胞を、ＢＦＰからＧＦＰに変換するように設計された鋳型ＲＮＡでエレクトロポレートする。細胞を、エレクトロポレーションの３～４日後に、色変換型蛍光タンパク質の発現についてフローサイトメトリーを用いて分析した。

【１４１３】

図１３は、例示的な鋳型ＲＮＡと共に、ＤＮＡ（プラスミド）形態又はＲＮＡ（ｍＲＮＡ）形態でＨＥＫ２９３Ｔ細胞に送達されるときの、３９の例示的な遺伝子組換えポリペプチドについての編集活性のグラフを示す。結果は、遺伝子組換えポリペプチドが、ｍＲＮＡの形態で細胞に送達され、ＤＮＡの形態で細胞に送達される同じ遺伝子組換えポリペプチドと同等の編集活性を達成し得ることを示した。更に、これらの結果は、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムが、（例えば、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｍＲＮＡ及び鋳型ＲＮＡによって）全体的にＲＮＡ形態で送達され得ることを実証する。

【１４１４】

実施例８：ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞における個々の遺伝子組換えポリペプチドのアレイ化スクリーニング

この実施例は、ゲノムＤＮＡを編集することが可能ないくつかの種類の遺伝子組換えポリペプチドの同定及び特性決定を説明する。

【１４１５】

ＢＦＰを発現するＨＥＫ２９３Ｔ細胞又はＵ２ＯＳ細胞（先の実施例に記載される）を、３７３の遺伝子組換えポリペプチドの１つを発現するプラスミド及び例示的なｔｇＲＮＡ　ｇ４又は例示的なｔｇＲＮＡ　ｇ１０のいずれか（それぞれＢＦＰをＧＦＰに変換するように設計された）を発現するプラスミドで０日目にヌクレオフェクトし、次に、フローサイトメトリーを用いて、４日目のＢＦＰ及びＧＦＰ発現を分析した（図１５）。ＧＦＰシグナルを有する細胞は、成功した書き換え事象を生じたものと定義され、４日目にＧＦＰ＋であった細胞のパーセントを用いて、各遺伝子組換えポリペプチドの性能を決定した。

【１４１６】

ＰＬ１２１６２に対して正規化された、各遺伝子組換えポリペプチド及び条件についてＧＦＰに変換されたパーセントを、箱ひげ図においてグラフに示した（図１６）。結果は、試験される遺伝子組換えポリペプチドが編集活性を有することを確認する。結果は、いくつかの遺伝子組換えポリペプチドが、ベンチマーク遺伝子組換えポリペプチドより、試験される４つの条件にわたってより高い編集活性を示す（１を超える、正規化された変換

されたパーセントを示す）ことを更に実証する。少なくとも１つの条件又は４つ全ての条件においてベンチマーク遺伝子組換えポリペプチドより高い編集活性を示す遺伝子組換えポリペプチドが、対照と共に、以下の表に列挙される。

【１４１７】

【表Ｄ１１－１】

表D11: 少なくとも1つの条件においてベンチマークより高い編集活性を示す遺伝子組換えポリペプチド

| 配列番号 | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 36 | 1384 | 2326 | 2644 | 2877 |
| 39 | 1390 | 2327 | 2647 | 2878 |
| 43 | 1401 | 2328 | 2648 | 2879 |
| 49 | 1404 | 2329 | 2653 | 2883 |
| 140 | 1405 | 2335 | 2677 | 2894 |
| 193 | 1406 | 2338 | 2688 | 2943 |
| 300 | 1618 | 2346 | 2692 | 2950 |
| 307 | 1672 | 2363 | 2711 | 3036 |
| 309 | 1857 | 2364 | 2712 | 3042 |
| 317 | 1861 | 2365 | 2713 | 3042 |
| 324 | 1864 | 2370 | 2734 | 3044 |
| 480 | 1865 | 2371 | 2776 | 3045 |
| 590 | 1870 | 2449 | 2780 | 3047 |
| 647 | 1883 | 2503 | 2781 | 3055 |
| 715 | 1943 | 2505 | 2782 | 3056 |
| 801 | 2087 | 2506 | 2784 | 3057 |
| 871 | 2089 | 2507 | 2788 | 3061 |
| 873 | 2091 | 2510 | 2790 | 3062 |
| 901 | 2097 | 2511 | 2793 | 3063 |
| 912 | 2099 | 2514 | 2794 | 3064 |
| 958 | 2101 | 2515 | 2795 | 3080 |
| 1006 | 2106 | 2518 | 2798 | 3081 |
| 1012 | 2115 | 2519 | 2803 | 3084 |
| 1017 | 2120 | 2525 | 2804 | 3086 |

【１４１８】

【表Ｄ１１－２】

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 1018 | 2300 | 2526 | 2809 | 3093 |
| 1038 | 2301 | 2527 | 2812 | 3094 |
| 1049 | 2303 | 2528 | 2817 | 7735 |
| 1171 | 2304 | 2534 | 2831 | |
| 1197 | 2305 | 2542 | 2839 | |
| 1198 | 2308 | 2610 | 2845 | |
| 1225 | 2309 | 2611 | 2849 | |
| 1371 | 2311 | 2614 | 2852 | |
| 1372 | 2314 | 2615 | 2855 | |
| 1373 | 2315 | 2619 | 2860 | |
| 1374 | 2316 | 2623 | 2863 | |
| 1376 | 2317 | 2624 | 2868 | |
| 1377 | 2319 | 2633 | 2869 | |
| 1380 | 2322 | 2636 | 2872 | |
| 1382 | 2325 | 2641 | 2874 | |

【１４１９】
【表Ｄ１２】

表D12: 全ての条件においてベンチマークより高い編集活性を示す遺伝子組換えポリペプチド

| 配列番号 |
|---|
| 1018 |
| 1038 |
| 2309 |
| 2315 |
| 2325 |
| 2338 |
| 2611 |
| 2868 |
| 3084 |
| 7735 |

【１４２０】
【表Ｄ１３－１】

表D13: 対照配列

| 正規化対照 | 陽性対照 | 陰性対照 |
|---|---|---|
| 2892 | 2181 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF |

【１４２１】

【表Ｄ１３－２】

| | | |
|---|---|---|
| | | DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSCQTKNTLNIDEYLLQFPD<br>QLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHDLR<br>AINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFSQALYQS<br>LHKIKFKISSEICIYMDDVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQF<br>QQPTTIRQIRAFLGLVGYCRHWIPEFSIHSKFLEKQLKKDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSH<br>SEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQADSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSK<br>WEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSDGSYTTGRGGAAVVMH<br>RPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLL<br>KQIMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQRAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | 3143 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSEAAAKGGSCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWA<br>SLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHDLRAINNI<br>VAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIK<br>FKISSEICIYMDDVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPT<br>TIRQIRAFLGKVGYCRHFIPEFSIHSKFLEKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASI<br>AVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQADSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADL<br>LRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSDGSYTTGRGGAAVVMHRPVTD<br>DFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQIMK<br>PKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQRAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL |

【１４２２】

【表Ｄ１３－３】

| | | |
|---|---|---|
| | | ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSPAPGGHLPPPPQVDQFPLNLPERLQALNDL<br>VSKALEAGHIEPYSGPGNNPVFPVKKPNGKWRFIHDLRATNAITTTLTSPSPGPPDLTSLPTALPHLQTIDLTDAFFQIPLPKQ<br>YQPYFAFTIPQPCNYGPGTRYAWTVLPQGFKNSPTLFEQQLAAVLNPMRKMFPTSTIVQYMDDILLASPTNEELQQLSQLT<br>LQALTTHGLPISQEKTQQTPGQIRFLGQVISPNHITYESTPTIPIKSQWTLTELQVILGEIQWVSKGTPILRKHLQSLYSALHGY<br>RDPRACITLTPQQLHALHAIQQALQHNCRGRLNPALPLLGLISLSTSGTTSVIFQPKQNWPLAWLHTPHPPTSLCPWGHLLA<br>CTILTLDKYTLQHYGQLCQSFHHNMSKQALCDFLRNSPHPSVGILIHHMGRFHNLGSQPSGPWKTLLHLPTLLQEPRLLRPI<br>FTLSPVVLDTAPCLFSDGSPQKAAYVLWDQTILQQDITPLPSHETHSAQKGELLALICGLRAAKPWPSLNIFLDSKYLIKYLHSL<br>AIGAFLGTSAHQTLQAALPPLLQGKTIYLHHVRSHTNLPDPISTFNEYTDSLILAPLVPLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPK<br>KKAKVE |
| | | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSPAPGGSCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLP<br>TDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHDLRAINNIVAP<br>LTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIKFKI<br>SSEICIYMDDVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIR<br>QIRAFLGKVGYCRHFIPEFSIHSKFLEKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAV<br>LTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQADSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLR<br>PELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSDGSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFI<br>IIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQIMKPK<br>QVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQRAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPGSSGGHLPPPPQVDQFPLNLPERLQALNDL<br>VSKALEAGHIEPYSGPGNNPVFPVKKPNGKWRFIHDLRATNAITTTLTSPSPGPPDLTSLPTALPHLQTIDLTDAFFQIPLPKQ<br>YQPYFAFTIPQPCNYGPGTRYAWTVLPQGFKNSPTLFQQQLAAVLNPMRKMFPTSTIVQYMDDILLASPTNEELQQLSQLT<br>LQALTTHGLPISQEKTQQTPGQIRFLGQVISPNHITYESTPTIPIKSQWTLTELQVILGEIQWVSKGTPILRKHLQSLYSALHPY<br>RDPRACITLTPQQLHALHAIQQALQHNCRGRLNPALPLLGLISLSTSGTTSVIFQPKQNWPLAWLHTPHPPTSLCPWGHLLA<br>CTILTLDKYTLQHYGQLCQSFHHNMSKQALCDFLRNSPHPSVGILIHHMGRFHNLGSQPSGPWKTLLHLPTLLQEPRLLRPI<br>FTLSPVVLDTAPCLFSDGSPQKAAYVLWDQTILQQDITPLPSHETHSAQKGELLALICGLRAAKPWPSLNIFLDSKYLIKYLHSL |

【１４２３】

【表Ｄ１３－４】

| | | |
|---|---|---|
| | | AIGAFLGTSAHQTLQAALPPLLQGKTIYLHHVRSHTNLPDPISTFNEYTDSLILAPLVPLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPK<br>KKAKVE |

【１４２４】

ＲＴファミリー中の試験される各候補からのデータを分類し、先の実施例において試験されるプールされたＲＴファミリーについてのデータと比較して、プールされた実験において見られる傾向が、候補を個別に試験されたときに再現されたことを確認した（図１７

）。結果は、個別に試験されたときの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの性能が、プールされた実験において観察された傾向を反復したことを確認した。

【１４２５】

「約」、「少なくとも」、「未満」、及び「を超える」などの、本出願におけるいくつかのパラメータを表す全ての数値境界について、記載は、記載される値によって境界付けられるいずれの範囲も必然的に包含することが理解されるべきである。従って、例えば、「少なくとも１、２、３、４又は５」という記載は、とりわけ、１～２、１～３、１～４、１～５、２～３、２～４、２～５、３～４、３～５、及び４～５などの範囲も表す。

【１４２６】

本明細書に引用される全ての特許、出願又は非特許文献及び参照配列情報などの他の参照文献について、それらが、あらゆる目的のため及び記載される提示のため、全体が参照により組み込まれることが理解されるべきである。参照により組み込まれる文献と及び本出願との間に矛盾が存在する場合、本出願が優先される。本出願に開示される参照遺伝子配列に関連する全ての情報、例えば、例えば、ゲノム遺伝子座、ゲノム配列、機能注釈、対立遺伝子多型及び参照ｍＲＮＡ（例えば、エクソン境界又は応答エレメントを含む）及びタンパク質配列（保存的ドメイン構造など）並びに化学参照（例えば、ＰｕｂＣｈｅｍ化合物、ＰｕｂＣｈｅｍ物質又はＰｕｂＣｈｅｍ　Ｂｉｏａｓｓａｙエントリ（構造及びアッセイなどのその中の注釈を含む））を含む、ＧｅｎｅＩＤｓ又は受入番号（典型的に、ＮＣＢＩ受入番号を参照する）は、全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１４２７】

本出願において使用される見出しは、便宜上のものであるに過ぎず、本出願の解釈に影響を及ぼすものではない。

【図面】

【図１】

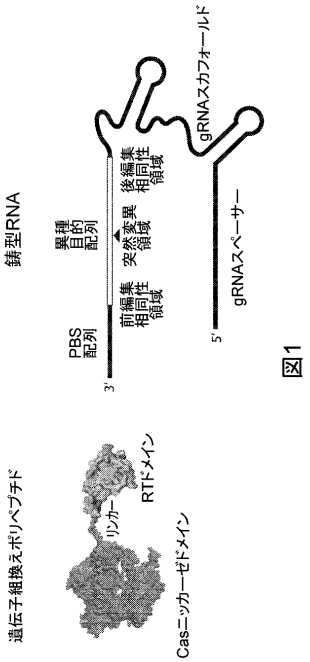



図1

【図２】




図2A

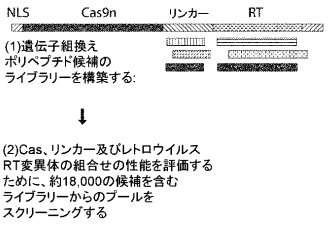



図2B

【図３】

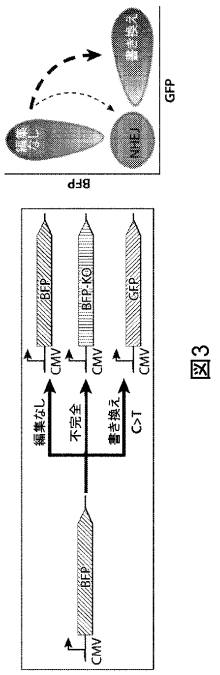



図3

【図４】

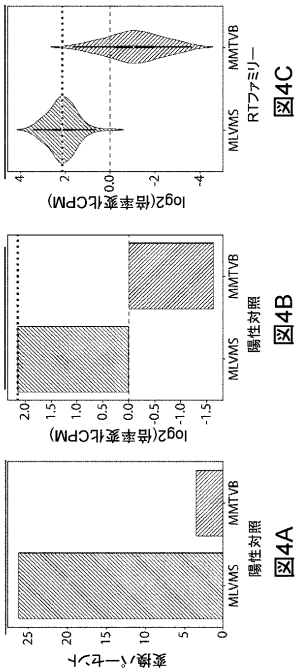



図4A 図4B 図4C

【図５Ａ】

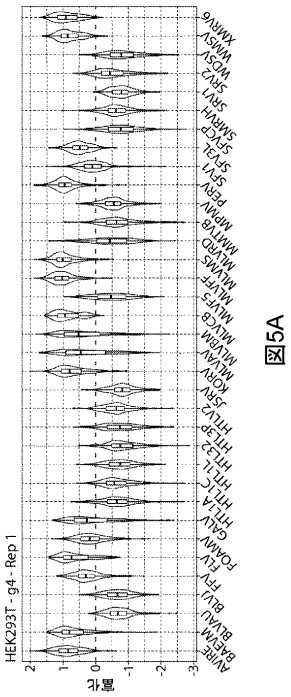



図5A

【図５Ｂ】

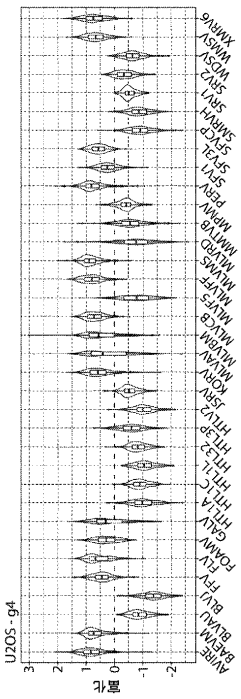



図5B

【図５Ｃ】

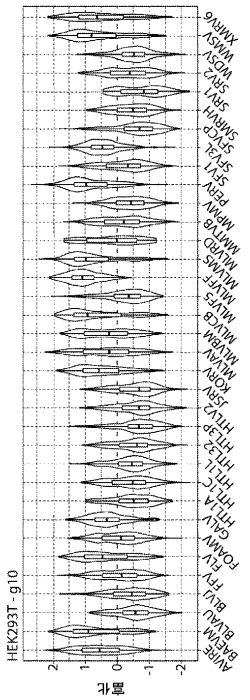



図5C

【図５Ｄ】

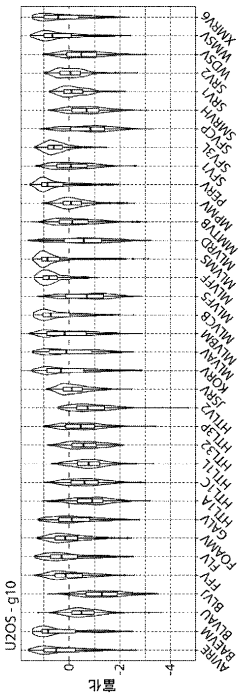



図5D

【図５Ｅ】

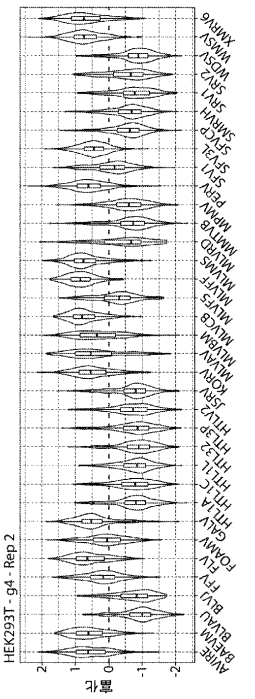



図5E

【図５Ｆ】

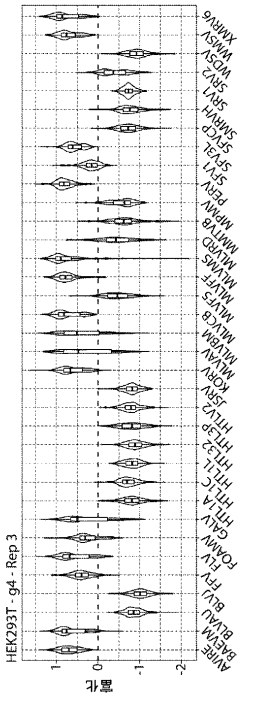



図5F

【図５Ｇ】

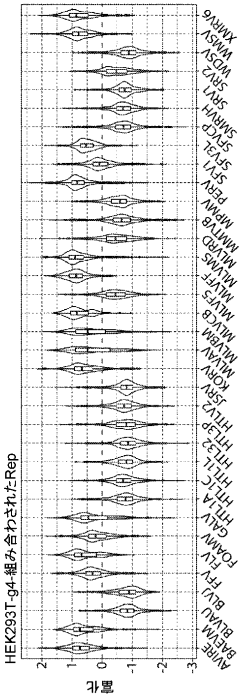



図5G

【図６】

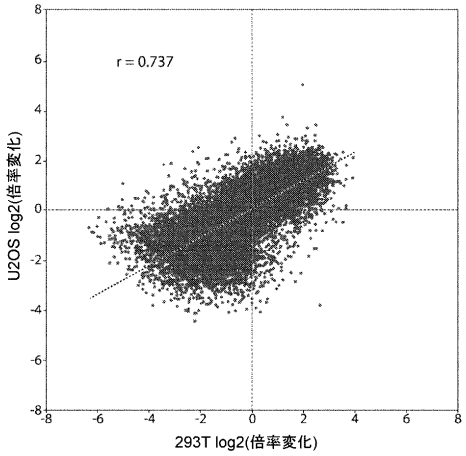



図6

【図７】

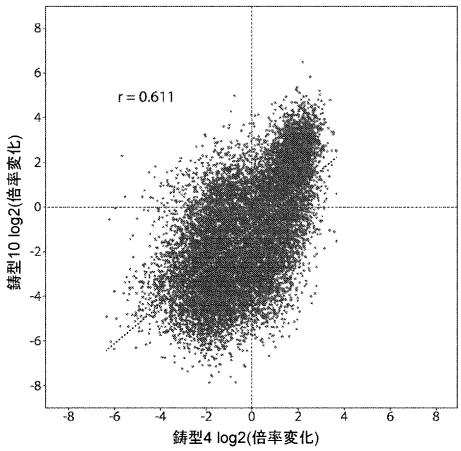



図7

【図８Ａ】

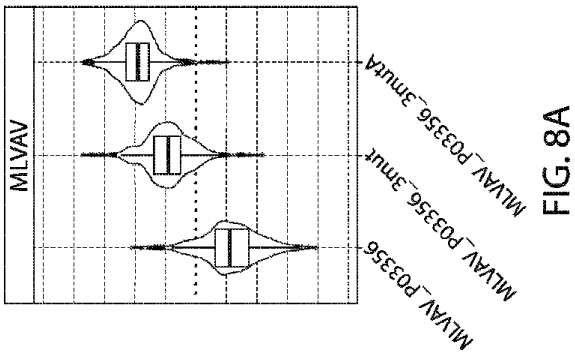



FIG. 8A

【図８Ｂ】

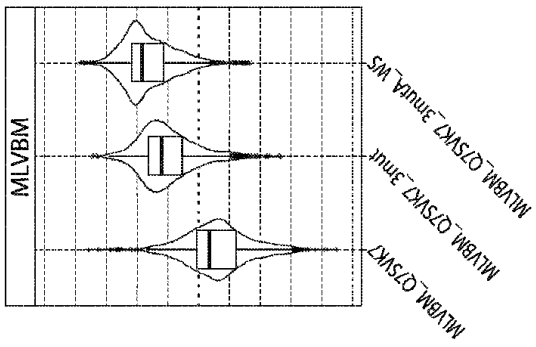



FIG. 8B

【図８Ｃ】

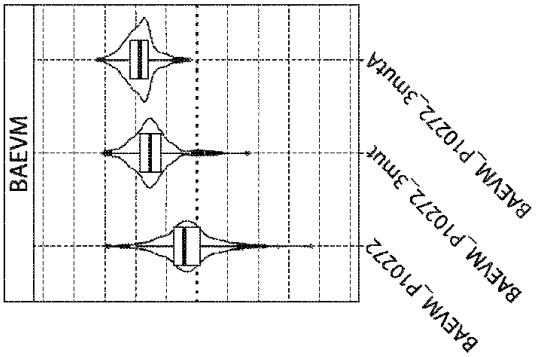



FIG. 8C

【図８Ｄ】

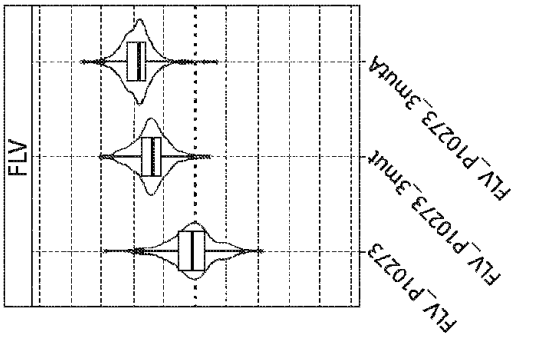



FIG. 8D

【図８Ｅ】

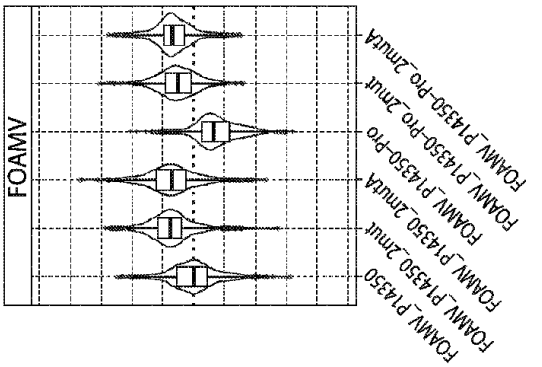



FIG. 8E

【図８Ｆ】

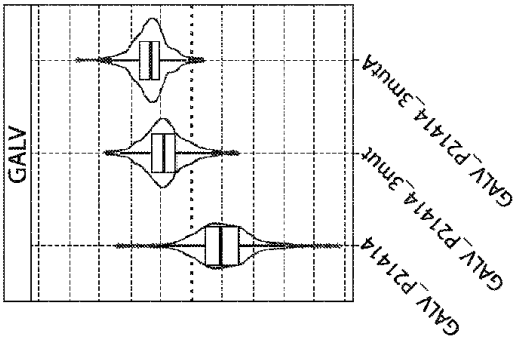



FIG. 8F

【図９－１】

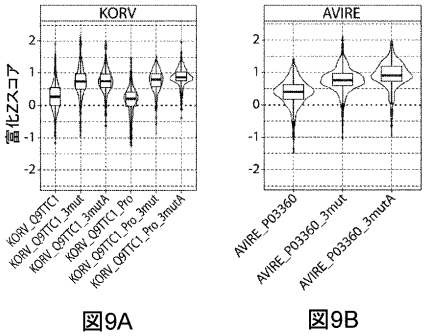



図9A　図9B

【図９－２】

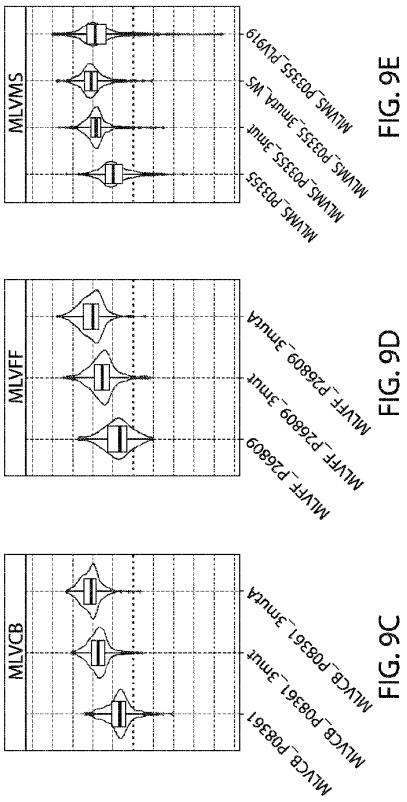



FIG. 9E
FIG. 9D
FIG. 9C

【図９－３】

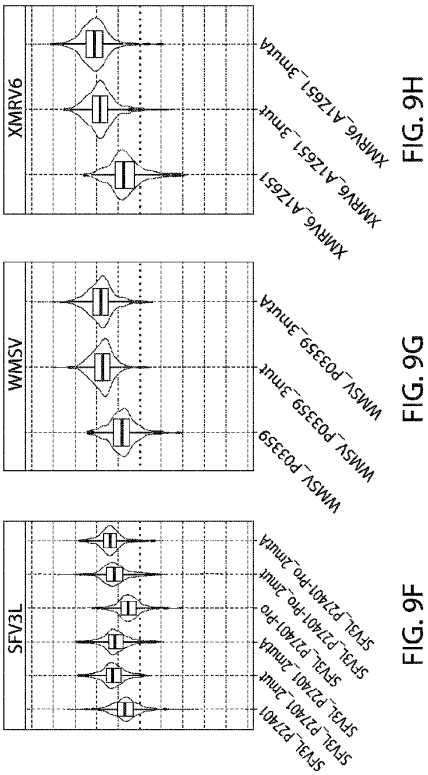



FIG. 9H
FIG. 9G
FIG. 9F

【図１０Ａ】

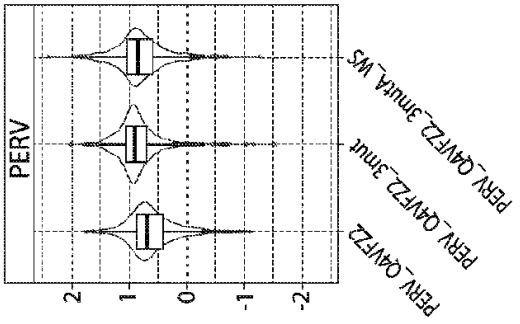



FIG. 10A

【図１０Ｂ】

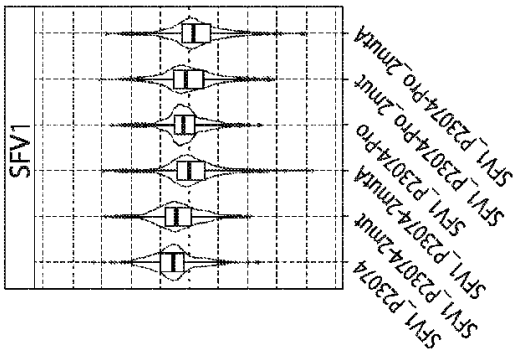



FIG. 10B

【図１０Ｃ】

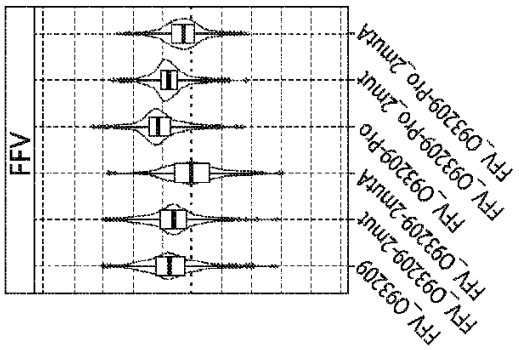



FIG. 10C

【図１１】

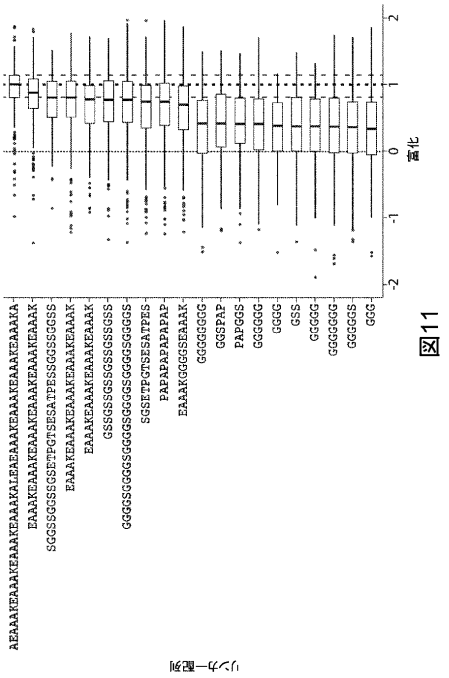
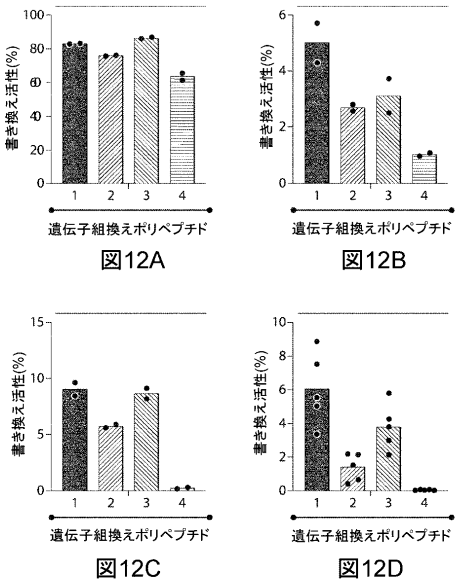
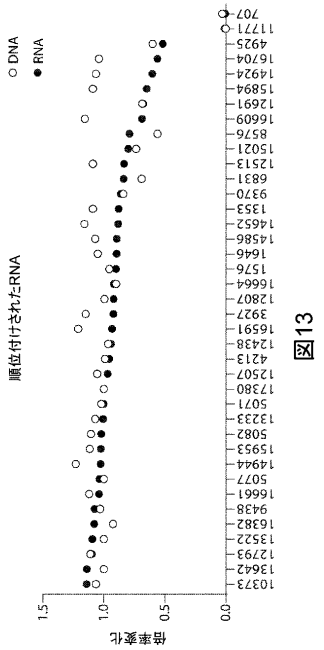



図11

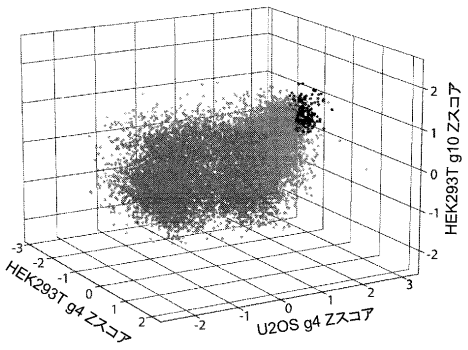
【図１２】



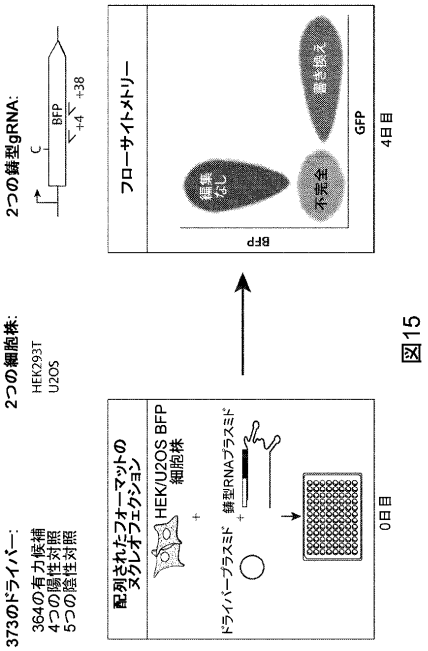

【図１３】




【図１４】




【図１５】



【図１６】

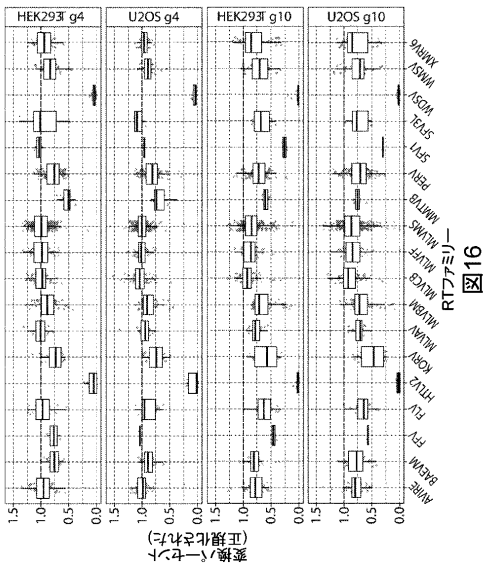



図16

【図１７】

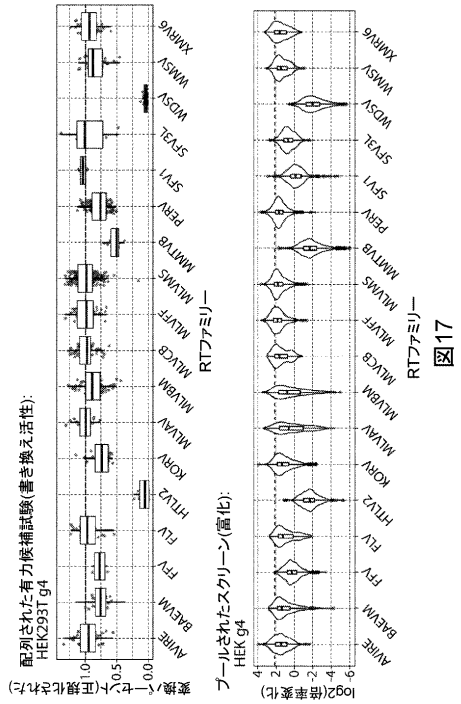



図17

【配列表】

<u>202453331100000 01.xml</u>

【手続補正書】
【提出日】令和6年5月14日(2024.5.14)
【手続補正１】
【補正対象書類名】明細書
【補正対象項目名】全文
【補正方法】変更
【補正の内容】
【発明の詳細な説明】
【技術分野】
【０００１】
関連出願
本出願は、２０２１年９月８日に出願された米国仮特許出願第６３／２４１，９５３号及び２０２２年８月２４日に出願された同第６３／３７３，４４４号に対する優先権を主張するものであり、上記の出願の各々の内容全体が参照により本明細書に組み込まれる。
【０００２】
配列表
本出願は、ＸＭＬ形式で電子的に提出され、全体が参照により本明細書に組み込まれる配列表を含む。２０２２年１０月２７日に作成された前記ＸＭＬコピーは、Ｖ２０６５－７０２３ＷＯ＿ＳＬ．ｘｍｌと命名され、２０，０９０，７５７バイトのサイズである。
【背景技術】
【０００３】
ゲノムへの目的の核酸の組込みは、挿入事象を促進するための特殊なタンパク質の非存在下において低頻度で起こり、且つ部位特異性がほとんどない。ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓ９のようないくつかの存在する手法は、宿主修復経路に依存する小さい編集により適しており、長い配列の組込みには有効性が低い。Ｃｒｅ／ｌｏｘＰといった他の既存の手法は、ｌｏｘＰ部位をゲノムに挿入する第１ステップ、次いで目的の配列をｌｏｘＰ部位に挿入する第２ステップを必要とする。当技術分野では、改善された組成物（例えばタンパク質及び核酸）及びゲノム内に目的の配列を挿入、変更又は削除する方法が必要とされている。
【発明の概要】
【課題を解決するための手段】
【０００４】
本開示は、宿主細胞、組織若しくは対象における１つ若しくは複数の位置のゲノムをインビボ又はインビトロで改変するための新規の組成物、システム及び方法に関する。特に、本発明は、注目する配列を宿主ゲノム中に挿入するか、宿主ゲノム中で改変するか、又は宿主ゲノム中で欠失させる組成物、システム及び方法を特徴とする。
【０００５】
組成物又は方法の構成は、以下に列挙される実施形態の１つ又は複数を含み得る。
【０００６】
１．遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）及び
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと（例えば、表６中のＲＴドメインについて列挙される配列と）少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０００７】
２．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、実施形態１の遺伝子組換えポリペプチド。
【０００８】
３．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０００９】
４．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１０】
５．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１１】
６．ＲＴドメインは、表１のＲＴドメインに対して１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１２】
７．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１３】
８．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１４】
９．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１５】
１０．リンカーは、表１の、ＲＴドメインと同じ行からのリンカー配列との１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１６】
１１．ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１７】
１２．Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１８】
１３．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００１９】
１４．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２０】
１５．Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２１】
１６．ＮＬＳを含み、例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、２つのＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００２２】
１７．Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２３】
１８．ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２４】
１９．Ｃａｓ９ドメインのＮ末端である第１のＮＬＳ及びＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２５】
２０．第１のＮＬＳ及びＣａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２６】
２１．第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２７】
２２．Ｃａｓドメインとリンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２８】
２３．ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００２９】
２４．リンカーとＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３０】
２５．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３１】
２６．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３２】
２７．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３３】
２８．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９８％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３４】
２９．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３５】
３０．配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して１００％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【００３６】
３１．ＨＥＫ細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００

％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００３７】

３２．Ｕ２－ＯＳ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００３８】

３３．ＨＥＫ細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）及びｇ１０ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００３９】

３４．ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、

ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；

ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳ（配列番号5152）を有するリンカー；

ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び

ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列、

を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又は９０％である活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００４０】

３５．例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【００４１】

３６．先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。

【００４２】

３７．実施形態１～３５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド又は実施形態３６の核酸を含む細胞。

【００４３】

３８．システムであって、

ｉ）実施形態１～３５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、並びに

ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、

ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；

ｂ）遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；

ｃ）異種目的配列；及び

ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）

を含む鋳型ＲＮＡ

を含むシステム。
【００４４】
３９．細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、細胞を、実施形態３８のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより標的核酸を修飾することを含む方法。
【００４５】
４０．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００４６】
４１．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００４７】
４２．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００４８】
４３．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００４９】
４４．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５０】
４５．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５１】
４６．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５２】
４７．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５３】
４８．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５４】
４９．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５５】
５０．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５６】
５１．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【００５７】
５２．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５８】
５３．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００５９】
５４．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６０】
５５．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６１】
５６．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６２】
５７．参照遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６３】
５８．参照遺伝子組換えポリペプチドは、（例えば、本明細書に記載される）ＡＶＩＲＥポリペプチドであり、ここで、リンカーは、図１１に列挙されるアミノ酸配列を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【００６４】
５９．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００６５】
６０．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ａ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００６６】
６１．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ａ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００６７】

６２．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００６８】

６３．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００６９】

６４．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７０】

６５．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって

、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ２の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７１】
６６．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ３の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ３の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７２】
６７．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ４の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ４の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７３】
６８．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ５の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００７４】
６９．Ａ遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ６の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ６の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７５】

７０．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ７の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ７の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７６】

７１．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ８の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ８の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７７】

７２．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ９の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ９の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７８】

７３．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ１０の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１０の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、

９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００７９】

７４．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ１１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８０】

７５．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ１２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１２の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８１】

７６．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８２】

７７．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ２の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチド。

【００８３】
７８．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン（例えば、本明細書に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、図１１に列挙される配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【００８４】
７９．ＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００８５】
８０．ＲＴドメインは、ＢＡＥＶＭ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００８６】
８１．ＲＴドメインは、ＦＦＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００８７】
８２．ＲＴドメインは、ＦＬＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００８８】
８３．ＲＴドメインは、ＦＯＡＭＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００８９】
８４．ＲＴドメインは、ＧＡＬＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００９０】
８５．ＲＴドメインは、ＫＯＲＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。
【００９１】
８６．ＲＴドメインは、ＭＬＶＡＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９

７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９２】

８７．ＲＴドメインは、ＭＬＶＢＭ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９３】

８８．ＲＴドメインは、ＭＬＶＣＢ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９４】

８９．ＲＴドメインは、ＭＬＶＦＦ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９５】

９０．ＲＴドメインは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９６】

９１．ＲＴドメインは、ＰＥＲＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９７】

９２．ＲＴドメインは、ＳＦＶ１　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９８】

９３．ＲＴドメインは、ＳＦＶ３Ｌ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【００９９】

９４．ＲＴドメインは、ＷＭＳＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１００】

９５．ＲＴドメインは、ＸＭＲＶ６　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０１】

９６．ＲＴドメインは、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＡＶＩＲＥ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＳＦＶ３Ｌ、

ＷＭＳＶ若しくはＸＭＲＶ６　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０２】

９７．ＲＴドメインは、ガンマレトロウイルスＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態１～７８のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０３】

９８．ＲＴドメインは、ＧＡＬＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＡＶＩＲＥ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＷＭＳＶ、ＸＭＲＶ６、ＭＬＶＭＳ、及びＰＥＲＶ　ＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、表６に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有する配列を含む、実施形態９７の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０４】

９９．ＲＴドメインは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２のいずれか１つに列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、いずれかの実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０５】

１００．リンカーは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２のいずれか１つに列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０６】

１０１．ＲＴドメインは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２のいずれか１つに列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含み；

リンカーは、表１、Ａ１、Ａ５、Ｄ１～Ｄ１２、Ｔ１若しくはＴ２の同じ行に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０７】

１０２．ＲＴドメインは、ＲＴドメインの野生型配列と比べて、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３位に対応する残基において１つ又は複数（例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、又は２０）のアミノ酸置換を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０８】

１０３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１０９】

１０４．ＲＴドメインは、ＲＴドメインの野生型配列と比べて、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿Ｐ０３３５５配列、例えば、配列番号８０７０の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３位に対応する残基において１つ又は複数（例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、又は２０）のアミノ酸置換を含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１０】

１０５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿Ｐ０３３５５配列、例えば、配列番号８０７０、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１１】

１０６．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＡＶＩＲＥ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＡＶＩＲＥ＿Ｐ０３３６０配列、例えば、配列番号８００１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１２】

１０７．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＢＡＥＶＭ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＢＡＥＶＭ＿Ｐ１０２７２配列、例えば、配列番号８００４、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１３】

１０８．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＢＬＶＡＵ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＢＬＶＡＵ＿Ｐ２５０５９配列、例えば、配列番号８００７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１４】

１０９．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＢＬＶＪ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＢＬＶＪ＿Ｐ０３３６１配列、例えば、配列番号８００９、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１５】

１１０．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＦＦＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＦＦＶ＿Ｏ９３２０９配列、例えば、配列番号８０１２、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１６】

１１１．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＦＬＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＦＬＶ＿Ｐ１０２７３配列、例えば、配列番号８０１９、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１１７】
１１２．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＦＯＡＭＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＦＯＡＭＶ＿Ｐ１４３５０配列、例えば、配列番号８０２１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１１８】
１１３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＧＡＬＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＧＡＬＶ＿Ｐ２１４１４配列、例えば、配列番号８０２７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１１９】
１１４．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ１Ａ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ１Ａ＿Ｐ０３３６２配列、例えば、配列番号８０３０、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２０】
１１５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ１Ｃ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ１Ｃ＿Ｐ１４０７８配列、例えば、配列番号８０３３、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２１】
１１６．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ３２　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ３２＿Ｑ０Ｒ５Ｒ２配列、例えば、配列番号８０３８、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２２】
１１７．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＨＴＬ３Ｐ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＨＴＬ３Ｐ＿Ｑ４Ｕ０Ｘ６配列、例えば、配列番号８０４１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２３】
１１８．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＪＳＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＪＳＲＶ＿Ｐ３１６２３配列、例えば、配列番号８０４５、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２４】
１１９．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＫＯＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＫＯＲＶ＿Ｑ９ＴＴＣ１配列、例えば、配列番号８０４７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。
【０１２５】
１２０．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＡＶ　ＲＴドメイン配列のアミ

ノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＡＶ＿Ｐ０３３５６配列、例えば、配列番号８０５３、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２６】

１２１．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＢＭ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＢＭ＿Ｑ７ＳＶＫ７配列、例えば、配列番号８０５６、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２７】

１２２．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＣＢ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＣＢ＿Ｐ０８３６１配列、例えば、配列番号８０６２、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２８】

１２３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＦ５　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＦ５＿Ｐ２６８１０配列、例えば、配列番号８０６５、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１２９】

１２４．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＬＶＲＤ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＲＤ＿Ｐ１１２２７配列、例えば、配列番号８０７８、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３０】

１２５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＭＴＶＢ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＭＴＶＢ＿Ｐ０３３６５配列、例えば、配列番号８０８０、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３１】

１２６．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＭＰＭＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＰＭＶ＿Ｐ０７５７２配列、例えば、配列番号８０９７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３２】

１２７．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＰＥＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２配列、例えば、配列番号８０９９、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３３】

１２８．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＦＶ１　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＦＶ１＿Ｐ２３０７４配列、例えば、配列番号８１０５、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９

５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３４】

１２９．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＦＶ３Ｌ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＦＶ３Ｌ＿Ｐ２７４０１配列、例えば、配列番号８１１１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３５】

１３０．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＦＶＣＰ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＦＶＣＰ＿Ｑ８７０４０配列、例えば、配列番号８１１７、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３６】

１３１．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＭＲＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＭＲＶＨ＿Ｐ０３３６４配列、例えば、配列番号８１２３、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３７】

１３２．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＳＲＶ２　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＳＲＶ２＿Ｐ５１５１７配列、例えば、配列番号８１２６、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３８】

１３３．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＷＤＳＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＷＤＳＶ＿Ｏ９２８１５配列、例えば、配列番号８１２８、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１３９】

１３４．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＷＭＳＶ　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＷＭＳＶ＿Ｐ０３３５９配列、例えば、配列番号８１３１、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４０】

１３５．ＲＴドメインは、本明細書に記載されるＸＭＲＶ６　ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＸＭＲＶ６＿Ａ１Ｚ６５１配列、例えば、配列番号８１３４、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むＲＴドメインを含む、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４１】

１３６．ＲＴドメインは、

ａ）配列番号８１３７の２００位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）；

ｂ）配列番号８１３７の６０３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸トリプトファン（Ｗ）；

ｃ）配列番号８１３７の３３０位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸プロリン（Ｐ）；
ｄ）配列番号８１３７の５２４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グリシン（Ｇ）；
ｅ）配列番号８１３７の５６２位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グルタミン（Ｑ）；
ｆ）配列番号８１３７の５８３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）；
ｇ）配列番号８１３７の５１位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸ロイシン（Ｌ）；
ｈ）配列番号８１３７の６７位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アルギニン（Ｒ）；
ｉ）配列番号８１３７の６７位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；
ｊ）配列番号８１３７の１９７位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アラニン（Ａ）；
ｋ）配列番号８１３７の２０４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アルギニン（Ｒ）；
ｌ）配列番号８１３７の３０２位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；
ｍ）配列番号８１３７の３０９位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）；
ｎ）配列番号８１３７の３１３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸フェニルアラニン（Ｆ）；
ｏ）配列番号８１３７の４３５位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グリシン（Ｇ）；
ｐ）配列番号８１３７の４５４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；
ｑ）配列番号８１３７の５９４位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸グルタミン（Ｑ）；
ｒ）配列番号８１３７の６７１位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸プロリン（Ｐ）；
ｓ）配列番号８１３７の６９位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸リジン（Ｋ）；又は
ｔ）配列番号８１３７の６５３位若しくは相同ＲＴドメイン中の対応する位置におけるアミノ酸アスパラギン（Ｎ）
を含む、実施形態４０～１３５のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４２】

１３７．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、実施形態４０の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４３】

１３８．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４４】

１３９．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４５】

１４０．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４６】

１４１．ＲＴドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインに対して１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４７】

１４２．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４８】

１４３．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１４９】

１４４．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５０】

１４５．リンカーは、参照遺伝子組換えポリペプチドからのリンカー配列に対して１００％の同一性を有する配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５１】

１４６．リンカーは、配列番号１１，０４１に対して少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、又は１００％の同一性を有するアミノ酸配列を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５２】

１４７．ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５３】

１４８．ＲＴドメインは、表２のいずれか１つの行に列挙される１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、又は６）の突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５４】

１４９．ＲＴドメインは、表２のいずれか１つの行に列挙される突然変異の全てを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５５】

１５０．Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５６】

１５１．Ｃａｓドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列に含まれるＣａｓドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１５７】

１５２．Ｃａｓドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列に含まれるＣａｓドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含まない、先の実施形態

のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１５８】
１５３．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１５９】
１５４．Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６０】
１５５．Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６１】
１５６．ＮＬＳを含み、例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、２つのＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６２】
１５７．Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６３】
１５８．ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６４】
１５９．Ｃａｓ９ドメインのＮ末端である第１のＮＬＳ及びＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６５】
１６０．第１のＮＬＳ及びＣａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６６】
１６１．第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６７】
１６２．Ｃａｓドメインとリンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６８】
１６３．ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１６９】
１６４．リンカーとＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１７０】
１６５．ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１７１】
１６６．遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

配列番号１～７７４３のいずれか１つに示されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含み、
ＲＴドメイン及びリンカーのアミノ酸配列は、配列番号１～７７４３のいずれか１つの同じアミノ酸配列に示され、
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、遺伝子組換えポリペプチド。
【０１７２】
１６７．ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、
ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；
ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳ（配列番号５１５２）を有するリンカー；
ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び
ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列
を含む参照遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又は９０％である活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１７３】
１６８．例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む参照遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１７４】
１６９．先の実施形態のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。
【０１７５】
１７０．実施形態４０～６８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド又は実施形態１６９の核酸を含む細胞。
【０１７６】
１７１．システムであって、
ｉ）実施形態４０～６８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【０１７７】

１７２．細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、細胞を、実施形態１７１のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより標的核酸を修飾することを含む方法。

【０１７８】

１７３．遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

ＲＴドメインの野生型配列と比べて、本明細書に記載されるＭＬＶＭＳ　ＲＴドメイン配列（例えば、表６に列挙される）、例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３位に対応する残基において（例えば、それに対して相同な位置における残基において）１つ又は複数（例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、又は２０）のアミノ酸置換を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１７９】

１７４．遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＡＶＩＲＥ　ＲＴの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＣａｓニッカーゼドメインとＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８０】

１７５．遺伝子組換えポリペプチドであって、

逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４

、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＣａｓニッカーゼドメインとＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８１】

１７６．遺伝子組換えポリペプチドであって、

逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号８００１、８００２若しくは８００３の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、ＣａｓニッカーゼドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号：配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、

７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのいずれかのリンカーのアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８２】

１７７．ＲＴドメインは、配列番号８００１の配列を有する参照ＲＴドメインと比べて、８、５１、６７、６９、１９７、２００、２０４、３０２、３０６、３０９、３１３、３３０、４３６、４５５、５２６、５６４、５８５、５９６、６０５、６５５、６７３位の１つ又は複数における突然変異を含む、実施形態１７４～１７６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８３】

１７８．ＲＴドメインは、以下の突然変異：Ｑ５１Ｌ、Ｔ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｅ６９Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｄ２００Ｎ、Ｎ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｙ３０９Ｎ、Ｗ３１３Ｆ、Ｇ３３０Ｐ、Ｔ４３６Ｇ、Ｎ４５５Ｋ、Ｄ５２６Ｇ、Ｅ５６４Ｑ、Ｄ５８５Ｎ、Ｈ５９６Ｑ、Ｌ６０５Ｗ、Ｄ６５５Ｎ、Ｌ６７３Ｐの１つ又は複数を含む、実施形態１７４～１７７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８４】

１７９．ＲＴドメインは、以下の突然変異：（ａ）Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、及びＬ６０５Ｗ又は（ｂ）Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、Ｌ６０５Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆを含む、実施形態１７８の遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８５】

１８０．配列番号１１，０４１～１１，０５０のいずれか１つの配列を有するリンカーを含む、実施形態１７４～１７９のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８６】

１８１．遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，００３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び

ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０１に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【０１８７】

１８２．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，０２０の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０２に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１８８】
１８３．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，０７４の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０３に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１８９】
１８４．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，１１３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０４に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９０】
１８５．遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、ＲＴドメインが、Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
ＲＴドメインとＣａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカーを含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９１】
１８６．核局在化シグナル（ＮＬＳ）を含む、実施形態１７４～１８５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９２】
１８７．Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である第１のＮＬＳを含む、実施形態１７４～１８６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９３】
１８８．ＲＴドメインのＣ末端であるＮＬＳを含む、実施形態１７４～１８７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９４】
１８９．Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である第１のＮＬＳ及びＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、実施形態１７４～１８８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０１９５】
１９０．Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である第１のＮＬＳを含み、ここで、第１

のＮＬＳは、ＰＡＡＫＲＶＫＬＤ（配列番号１１，０９５）のアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１８９のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１９６】

１９１．ＲＴドメインのＣ末端であるＮＬＳを含み、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥ（配列番号４６５０）のアミノ酸配列を有する、実施形態１７４～１９０のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１９７】

１９２．ＲＴドメインのＣ末端であるＮＬＳを含み、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４６５１）のアミノ酸配列を有する、実施形態１７４～１９１のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１９８】

１９３．第１のＮＬＳ及びＣａｓニッカーゼドメインを含む配列番号４０００の配列を含む、実施形態１７４～１９２のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０１９９】

１９４．第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列を含む、実施形態１７４～１９３のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２００】

１９５．Ｃａｓニッカーゼドメインとリンカーとの間にＧＧアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１９４のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０１】

１９６．ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１９５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０２】

１９７．リンカーとＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～１９６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０３】

１９８．Ｃａｓニッカーゼドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインを含む、実施形態１７４～１９７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０４】

１９９．Ｃａｓニッカーゼドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、実施形態１７４～１９８のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０５】

２００．Ｃａｓニッカーゼは、配列番号１１，０９６の配列を含む、実施形態１７４～１９９のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０６】

２０１．Ｃａｓニッカーゼは、配列番号９，００１～９，０３７、１１，０９６のいずれかの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、実施形態１７４～２００のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０７】

２０２．ＲＴドメインのＮ末端位置にメチオニンを含む、実施形態１７４～２０１のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０８】

２０３．ＲＴドメインのＮ末端位置にメチオニンを含まない、実施形態１７４～２０２のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２０９】

２０４．配列番号１３７２、１３７３若しくは１４１０のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０３のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。

【０２１０】
２０５．配列番号２７８４に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０４のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２１１】
２０６．配列番号６４７に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０５のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２１２】
２０７．配列番号１１９７に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、実施形態１７４～２０６のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド。
【０２１３】
２０８．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子。
【０２１４】
２０９．ＲＮＡを含む、実施形態２０８の核酸分子。
【０２１５】
２１０．ｍＲＮＡを含む、実施形態２０９の核酸分子。
【０２１６】
２１１．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチドを含む細胞。
【０２１７】
２１２．実施形態２０８～２１０のいずれかの核酸分子を含む細胞。
【０２１８】
２１３．システムであって、
ｉ）実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓニッカーゼドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【０２１９】
２１４．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、実施形態２０８～２１０のいずれかの核酸又は実施形態２１３のシステムを含む脂質ナノ粒子製剤。
【０２２０】
２１５．細胞内の標的核酸分子を修飾する方法であって、細胞を、実施形態２１３のシステムと接触させ、それにより標的核酸分子を修飾することを含む方法。
【０２２１】
２１６．実施形態１７４～２０７のいずれかの遺伝子組換えポリペプチド、実施形態２０８～２１０のいずれかの核酸又は実施形態２１３のシステムを使用して、標的プライム逆転写によって標的ゲノムを修飾する方法であって、標的ゲノムを、遺伝子組換えポリペプチド、核酸又はシステムと接触させ、それにより標的核酸分子を修飾することを含む方法。

【０２２２】
一態様では、本開示は、ＤＮＡを修飾するためのシステムであって、（ａ）標的プライミング逆転写が可能な遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸であって、ポリペプチドは、（ｉ）逆転写酵素ドメイン及び（ｉｉ）ＤＮＡに結合し、エンドヌクレアーゼ活性を有するＣａｓ９ニッカーゼを含む、核酸、並びに（ｂ）鋳型ＲＮＡであって、（ｉ）ヒト遺伝子の第１の部分に相補的なｇＲＮＡスペーサー、（ｉｉ）ポリペプチドに結合するｇＲＮＡスカフォールド、（ｉｉｉ）突然変異領域を含む異種目的配列、及び（ｉｖ）鋳型ＲＮＡの３’末端において標的ＤＮＡ鎖に対して１００％の相同性の少なくとも３、４、５、６、７、又は８つの塩基を含むプライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含む鋳型ＲＮＡを含むシステムに関する。

【０２２３】
ｇＲＮＡスペーサーは、鋳型ＲＮＡの５’末端において標的ＤＮＡに対して１００％の相同性の少なくとも１５の塩基を含み得る。鋳型ＲＮＡは、標的ＤＮＡ鎖に対して少なくとも８０％の相同性の少なくとも５つの塩基を含むＰＢＳ配列を更に含み得る。鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数の化学修飾を含み得る。

【０２２４】
遺伝子組換えポリペプチドのドメインは、ペプチドリンカーによって結合され得る。ポリペプチドは、１つ又は複数のペプチドリンカーを含み得る。遺伝子組換えポリペプチドは、核局在化シグナルを更に含み得る。ポリペプチドは、２つ以上の核局在化シグナル、例えば、複数の隣接する核局在化シグナル又はポリペプチドの異なる領域における１つ又は複数の核局在化シグナル、例えば、ポリペプチドのＮ末端における１つ又は複数の核局在化シグナル及びポリペプチドのＣ末端における１つ又は複数の核局在化シグナルを含み得る。遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸は、１つ又は複数のインテインドメインをコードし得る。

【０２２５】
標的細胞へのシステムの導入は、外因性ＤＮＡの少なくとも１、２、３、４、５、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、５００、又は１０００塩基対の挿入をもたらし得る。標的細胞へのシステムの導入は、欠失をもたらし得、ここで、欠失は、挿入の上流又は下流のゲノムＤＮＡの２、３、４、５、１０、５０又は１００塩基対未満である。標的細胞へのシステムの導入は、置換、例えば１、２又は３つのヌクレオチド、例えば連続したヌクレオチドの置換をもたらし得る。

【０２２６】
異種目的配列は、少なくとも５、１０、２５、５０、１００、１５０、２００、２５０、３００、４００、５００、６００、又は７００塩基対であり得る。

【０２２７】
一態様では、本開示は、上記のシステム及び薬学的に許容される賦形剤又は担体を含む医薬組成物に関し、ここで、薬学的に許容される賦形剤又は担体は、プラスミドベクター、ウイルスベクター、小胞、及び脂質ナノ粒子からなる群から選択される。一態様では、本開示は、上記のシステム及び複数の薬学的に許容される賦形剤又は担体を含む医薬組成物に関し、ここで、薬学的に許容される賦形剤又は担体は、プラスミドベクター、ウイルスベクター、小胞、及び脂質ナノ粒子からなる群から選択され、例えば、ここで、上記のシステムは、２つの異なる賦形剤又は担体、例えば、２つの脂質ナノ粒子、２つのウイルスベクター、又は１つの脂質ナノ粒子及び１つのウイルスベクターによって送達される。ウイルスベクターは、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）であり得る。

【０２２８】
一態様では、本開示は、上記のシステムを含む宿主細胞（例えば、哺乳動物細胞、例えば、ヒト細胞）に関する。

【０２２９】
システムは、インビボ、インビトロ、エクスビボ、又はインサイチュで導入され得る。

（ａ）の核酸は、宿主細胞のゲノムに組み込まれ得る。一部の実施形態では、（ａ）の核酸は、宿主細胞のゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、異種目的配列は、宿主細胞ゲノム内の１つのみの標的部位において挿入される。異種目的配列は、宿主細胞ゲノム内の２つ以上の標的部位において、例えば、２つの相同染色体における同じ対応する部位又は同じ又は異なる染色体上の２つの異なる部位において挿入され得る。異種目的配列は、哺乳動物ポリペプチド、又はそのフラグメント若しくは変異体をコードし得る。システムの成分は、１、２、３、４、又はそれ以上の異なる核酸分子上で送達され得る。システムは、エレクトロポレーションによって又はプラスミドベクター、ウイルスベクター、小胞、及び脂質ナノ粒子から選択される少なくとも１つのビヒクルを使用することによって宿主細胞内に導入され得る。

【０２３０】

特許ファイル又は出願ファイルは、色付きで仕上げた少なくとも１つの図面を含有する。色付き図面を有するこの特許公報又は特許出願公報のコピーは、請求と必須の料金の支払いがあれば直ぐに、庁によって提供される。

【図面の簡単な説明】

【０２３１】

【図１】本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを示す。左側のダイアグラムは、Ｃａｓニッカーゼドメイン（例えば、ｓｐＣａｓ９　Ｎ８６３Ａ）及びリンカーによって連結された逆転写酵素ドメイン（ＲＴドメイン）を含む遺伝子組換えポリペプチドを示す。右側のダイアグラムは、５’から３’に、ｇＲＮＡスペーサー、ｇＲＮＡスカフォールド、異種目的配列、及びプライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）を含む鋳型ＲＮＡを示す。異種目的配列は、標的部位と比べて１つ又は複数の配列差を含む突然変異領域を含み得る。異種目的配列は、突然変異領域に隣接する、前編集相同性領域及び後編集相同性領域も含み得る。特定の理論に束縛されることは意図しないが、鋳型ＲＮＡのｇＲＮＡスペーサーが、ゲノム内の標的部位の第２鎖に結合し、鋳型ＲＮＡのｇＲＮＡスカフォールドが、遺伝子組換えポリペプチドに結合して、例えば、遺伝子組換えポリペプチドを、ゲノム内の標的部位に局在化すると考えられる。遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインが、標的部位（例えば、標的部位の第１鎖）に切れ目を入れて、例えば、ＰＢＳ配列を、標的部位の第１鎖上で改変されるべき部位に隣接する配列に結合すると考えられる。遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインが、プライマーとしての鋳型ＲＮＡのＰＢＳ配列及び鋳型としての鋳型ＲＮＡの異種目的配列を含む相補的配列に結合された標的部位の第１鎖を使用して、例えば、異種目的配列に相補的な配列を重合させると考えられる。特定の理論に束縛されることは意図しないが、次に、逆転写が、前編集相同性領域、次に突然変異領域、及び次に後編集相同性領域を通して進行することにより、異種目的配列によって特定される突然変異を含むＤＮＡ鎖を生成し得ると考えられる。

【図２】スクリーニングライブラリーのための遺伝子組換えポリペプチド候補及びスクリーニング方法の説明の概略図を提供する。図２Ａは、遺伝子組換えポリペプチド候補、核局在化シグナル（ＮＬＳ）、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）（Ｓｐｙ）Ｃａｓ９ニッカーゼ（Ｃａｓ９ｎ）、表１０から選択されるペプチドリンカー（リンカー）、及び表６から選択されるレトロウイルス由来の逆転写酵素ドメイン（ＲＴ）を含む融合ポリペプチドの概略図である。図２Ｂは、遺伝子組換えポリペプチド候補のライブラリーからのプールされた要素を用いて行われるスクリーンの概略図を提供する。

【図３】試験細胞株における標的レポーター遺伝子（ＢＦＰ）を含む遺伝子編集を検出するためのアッセイ並びに編集なしか、不完全な編集又はＣからＴへの完全な編集（ＢＦＰではなくＧＦＰの発現及び検出をもたらす）があるかどうかに応じた、アッセイにおける３つの結果の概略図を提供する。

【図４】２つの例示的な遺伝子組換えポリペプチド、ＭＬＶＭＳ及びＭＭＴＶＢの編集活性を示す一連のグラフである。図４Ａは、ＧＦＰ陽性に変換された全細胞のパーセントによって評価される際の、２つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を示す。図

４Ｂは、実施例２及び３のスクリーンにおける２つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を示す。図４Ｃは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴファミリー及びＭＭＴＶＢ　ＲＴファミリーのＲＴドメインを含む全ての例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性のバイオリン図を示す。

【図５Ａ】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図を提供する。図５Ａは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｂは、Ｕ２ＯＳ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｃは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ１０で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｄは、Ｕ２ＯＳ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ１０で処理された後の富化のバイオリン図を示す。図５Ｅは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された、図５Ａに示されるデータの更なるレプリケートについてのデータを示す。図５Ｆは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された、図５Ａに示されるデータの他の更なるレプリケートについてのデータを示す。図５Ｇは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞が、遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４で処理された、図５Ａ、５Ｅ、及び５Ｆのデータを組み合わせたバイオリン図を示す。

【図５Ｂ】同上

【図５Ｃ】同上

【図５Ｄ】同上

【図５Ｅ】同上

【図５Ｆ】同上

【図５Ｇ】同上

【図６】編集活性が、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞（Ｘ軸）又はＵ２ＯＳ細胞（Ｙ軸）内で試験されたときの、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化のグラフを示す。線形回帰線が、散布図データに基づいてプロットされている。

【図７】編集活性が、例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ４（Ｘ軸）又は例示的な鋳型ＲＮＡ　ｇ１０（Ｙ軸）内で試験されたときの、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化のグラフを示す。線形回帰線が、散布図データに基づいてプロットされている。

【図８－１】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図（図８Ａ　ＭＬＶＡＶ、図８Ｂ　ＭＬＶＢＭ、図８Ｃ　ＢＡＥＶＭ、図８Ｄ　ＦＬＶ、図８Ｅ、ＦＯＡＭＶ、図８Ｆ　ＧＡＬＶ）を提供し、ここで、野生型ＲＴファミリー遺伝子組換えポリペプチドが、左側に示され、続いて、右側に、増加した数の置換突然変異を含む遺伝子組換えポリペプチドが示される。

【図８－２】同上

【図９－１】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図（図９Ａ　ＫＯＲＶ、図９Ｂ　ＡＶＩＲＥ、図９Ｃ　ＭＬＶＣＢ、図９Ｄ　ＭＬＶＦＦ、図９Ｅ　ＭＬＶＭＳ、図９Ｆ　ＳＦＶ３Ｌ、図９Ｇ　ＷＭＳＶ、図９Ｈ　ＸＭＲＶ６）を提供し、ここで、野生型ＲＴファミリー遺伝子組換えポリペプチドが、左側に示され、続いて、右側に、増加した数の置換突然変異を含む遺伝子組換えポリペプチドが示される。ＫＯＲＶ及びＳＦＶ３Ｌ　ＲＴファミリーについて、ＲＴドメインのプロテアーゼドメインを欠失した／無効にした変異体も評価された。

【図９－２】同上

【図９－３】同上

【図１０】ＲＴファミリーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの富化を示すバイオリン図（図１０Ａ　ＰＥＲＶ、図１０Ｂ　ＳＦＶ１、図１０Ｃ　ＦＦＶ）を提供し、ここで、野生型ＲＴファミリー遺伝子組換えポリペプチドが、左側に示され、続いて、右側に、増加した数の置換突然変異を含む遺伝子組換えポリペプチドが示される。ＳＦＶ１及びＦＦＶ　ＲＴファミリーについて、ＲＴドメインのプロテアーゼドメインを

欠失した／無効にした変異体も評価された。
【図１１】リンカーによって分類される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択の富化の箱ひげ図を提供し、ここで、点線の四角形は、最も高い性能のリンカーを含む遺伝子組換えポリペプチドの平均富化を示し、一点鎖線は、前記平均富化の標準誤差を示す。図は、出現順にそれぞれ配列番号５２１７、５１３０、５００６、５１２９、５１２８、５１２４、５１１２、５２２０、５１３６、５２１９、５１１８、５１４３～５１４４、５１１６、５１１４～５１１５、５１１７及び５１３８を開示する。
【図１２】編集が、Ｕ２ＯＳ細胞内のゲノムランディングパッドＢＦＰ遺伝子に標的化された場合（図１２Ａ）、編集が、Ｕ２ＯＳ細胞内のＨＥＫ３に標的化された場合（図１２Ｂ）、編集が、初代マウス肝細胞内のマウスＦａｈに標的化された場合（図１２Ｃ）、及び編集が、Ｆａｈ５９８１ＳＢモデルマウスの肝臓内のマウスＦａｈに標的化された場合（図１２Ｄ）の、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性のグラフを示す。
【図１３】プラスミド（ＤＮＡ）又はｍＲＮＡとして細胞に提供された後の、例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択の富化のグラフを示す。
【図１４】３つの条件のそれぞれにおける遺伝子組換えポリペプチド候補のライブラリーのＺスコアを示すグラフである。
【図１５】フローサイトメトリーを用いた遺伝子組換えポリペプチドのアレイ化スクリーニングのためのワークフローを示すダイアグラムである。
【図１６】図１５に示されるワークフローに従って、遺伝子組換えポリペプチド及びプラスミドを導入した後、成功した書き換え事象を生じ、ＧＦＰ蛍光を示す細胞のパーセンテージを示す一連のグラフである。
【図１７】プールされたＲＴ候補のスクリーニングからの結果と比較した、アレイ化有力候補の試験の結果を示す一連のグラフである。
【発明を実施するための形態】
【０２３２】
定義
「発現カセット」という用語は、本明細書で使用される場合、本発明の核酸分子の発現のために十分な核酸エレメントを含む核酸構築物を指す。
【０２３３】
「ｇＲＮＡスペーサー」は、本明細書で使用される場合、標的核酸に対する相補性を有し、ｇＲＮＡスカフォールドと一緒に、Ｃａｓタンパク質を標的核酸に標的化し得る、核酸の部分を指す。
【０２３４】
「ｇＲＮＡスカフォールド」は、本明細書で使用される場合、Ｃａｓタンパク質に結合し得、ｇＲＮＡスペーサーと一緒に、Ｃａｓタンパク質を標的核酸に標的化し得る、核酸の部分を指す。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスカフォールドは、ｃｒＲＮＡ配列、テトラループ、及びｔｒａｃｒＲＮＡ配列を含む。
【０２３５】
「遺伝子組換えポリペプチド」は、本明細書で使用される場合、レトロウイルス逆転写酵素を含むポリペプチド、又は核酸配列（例えば、鋳型核酸上で提供される配列）を標的ＤＮＡ分子（例えば、宿主細胞内のゲノムＤＮＡ分子などの、哺乳動物宿主細胞内）に組み込むことが可能なレトロウイルス逆転写酵素に対する少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％のアミノ酸配列同一性を有するアミノ酸配列を含むポリペプチドを指す。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、宿主機構に実質的に依存せずに配列を組み込むことが可能である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を、ゲノム内のランダム位置に組み込み、一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を特定の標的部位に組み込む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、集合的に、１）鋳型核酸への結合、２）標的ＤＮＡ分子への結合を促進し、３）鋳型核酸の少なくとも一部の、標的ＤＮＡへの組み込みを促進する１つ又は複数のドメインを含む。遺伝子組換えポリペプチドは、天

然ポリペプチド及び例えば天然配列に対する１つ又は複数のアミノ酸置換を有するその操作された変異体の両方を含む。遺伝子組換えポリペプチドは、異種構築物も含み、例えば、ここで、上記に列挙されるドメインの１つ又は複数は、それ以外には野生型ドメインの異種融合（又は他のコンジュゲート）並びに修飾ドメインの融合によるかどうか、例えば、異種サブドメイン又は他の置換ドメインの置換又は融合によるかどうかにかかわらず、互いに異種である。本明細書に提供される方法において使用され得る、例示的な遺伝子組換えポリペプチド、及びそれらを含むシステム及びそれらを使用する方法が、例えば、レトロウイルス逆転写酵素ドメインを含む遺伝子組換えポリペプチドに関して参照により本明細書に組み込まれるＰＣＴ／ＵＳ２０２１／０２０９４８号明細書に記載される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を遺伝子に組み込む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列を、遺伝子の外部の配列に組み込む。「遺伝子組換えシステム」は、本明細書で使用される場合、遺伝子組換えポリペプチド及び鋳型核酸を含むシステムを指す。

【０２３６】

本明細書で使用される用語「ドメイン」は、生体分子の特定の機能に寄与する生体分子の構造を指す。ドメインは、生体分子の連続領域（例えば、連続配列）又は個別の非連続領域（例えば、非連続配列）を含み得る。タンパク質ドメインの例として、以下に限定されないが、エンドヌクレアーゼドメイン、ＤＮＡ結合ドメイン、逆転写ドメインが挙げられる；核酸のドメインの例として、調節ドメイン、例えば転写因子結合ドメインがある。一部の実施形態では、ドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン）は、２つ以上のより小さいドメイン（例えば、ＤＮＡ結合ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメイン）を含み得る。

【０２３７】

本明細書で使用されるように、用語「外性」とは、生体分子（例えば、核酸配列又はポリペプチドなど）に関して用いられる場合、生体分子が、人為的に、宿主ゲノム、細胞若しくは生物に導入されたことを意味する。例えば、組換えＤＮＡ技術又はその他の方法を用いて、既存のゲノム、細胞、組織若しくは対象に付加される核酸は、既存の核酸配列、細胞、組織若しくは対象に対して外性である。

【０２３８】

本明細書中で用いられる、標的ＤＮＡの個々のＤＮＡ鎖を説明するのに用いられる「第１の鎖」及び「第２の鎖」は、２つのＤＮＡ鎖を識別し、これらの鎖に基づいて、逆転写酵素ドメインは、例えば標的プライムド合成が開始する場所に基づいて、重合を開始する。第１の鎖は、標的ＤＮＡの鎖を指し、この上で、逆転写酵素ドメインが重合を開始する、例えば、標的プライムド合成が開始される。第２の鎖は、標的ＤＮＡの他方の鎖を指す。名称第１の鎖及び第２の鎖は、その他の点では標的部位ＤＮＡ鎖を説明しない；例えば、一部の実施形態において、第１の鎖及び第２の鎖は、本明細書中に記載されるポリペプチドによってニックが入れられるが、名称「第１の」及び「第２の」鎖は、そのようなニックが出現する順序とは無関係である。

【０２３９】

「ゲノムセーフハーバー部位」（ＧＳＨ部位）は、例えば、挿入された遺伝因子が、宿主細胞若しくは生物にリスクをもたらす宿主ゲノムの有意な改変を引き起こさないように、新たな遺伝物質の組込みを収容することができる宿主ゲノム内の部位である。ＧＳＨ部位は、概して、以下の基準の１、２、３、４、５、６、７、８若しくは９を満たす：（ｉ）癌関連遺伝子から＞３００ｋｂに位置する；（ｉｉ）ｍｉＲＮＡ／その他の機能性低分子ＲＮＡから＞３００ｋｂに位置する；（ｉｉｉ）５’遺伝子末端から＞５０ｋｂに位置する；（ｉｖ）複製起点から＞５０ｋｂに位置する；（ｖ）超保存エレメントから＞５０ｋｂ離れている；（ｖｉ）低転写活性を有する（すなわちｍＲＮＡ＋／－２５ｋｂがない）；（ｖｉｉ）コピー数可変領域内ではない；（ｖｉｉｉ）オープンクロマチン内である；及び／又は（ｉｘ）ヒトゲノム内に１コピーを有し、ユニークである。これらの基準のいくつか又は全部を満たすヒトゲノム内のＧＳＨ部位の例として、以下のものが挙げられる：（ｉ）アデノウイルス部位１（ＡＡＶＳ１）、１９番染色体上のＡＡＶウイルスの天

然に存在する組込み部位；（ｉｉ）ケモカイン（Ｃ－Ｃモチーフ）受容体５（ＣＣＲ５）遺伝子、ＨＩＶ－１共受容体として知られるケモカイン受容体遺伝子；（ｉｉｉ）マウスＲｏｓａ２６遺伝子座のヒトオーソログ；（ｉｖ）リボソームＤＮＡ（「ｒＤＮＡ」）遺伝子座。更に別のＧＳＨ部位が知られており、例えば、Ｐｅｌｌｅｎｚ ｅｔ ａｌ．ｅｐｕｂ Ａｕｇｕｓｔ ２０，２０１８（ｈｔｔｐｓ：／／ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／３９６３９０）に記載されている。

【０２４０】

用語「異種」は、第２の要素に関して第１の要素を表すために使用されるとき、第１の要素と第２の要素が、記載されるような配置で天然に存在しないことを意味する。例えば、異種ポリペプチド、核酸分子、構築物若しくは配列は、（ａ）それが発現される細胞に対してネイティブではないポリペプチド、核酸分子、又はポリペプチド若しくは核酸分子配列の部分、（ｂ）その天然の状態に対して改変若しくは突然変異したポリペプチド若しくは核酸分子又はポリペプチド若しくは核酸分子の部分、又は（ｃ）類似の条件下でのネイティブ発現レベルと比較して改変された発現を有するポリペプチド又は核酸分子を指す。例えば、異種調節配列（例えば、プロモータ、エンハンサー）を用いて、遺伝子又は核酸分子が天然に通常発現されるものと異なる様式で遺伝子又は核酸分子の発現を調節することができる。別の例において、ポリペプチドの異種ドメイン、又は核酸配列（例えば、ポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン、又はポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインをコードする核酸）は、他のドメインと比較して配置され得るか、或いはポリペプチドの他のドメイン若しくは一部又はそのコード核酸と比較して異なる配列又は異なる供給源由来であり得る。特定の実施形態では、異種核酸分子は、天然の宿主細胞ゲノム内に存在し得るが、改変された発現レベル若しくは異なる配列を有するか、又はその両方であり得る。他の実施形態では、異種核酸分子は、宿主細胞又は宿主ゲノムに内在性でなくてもよいが、代わりに形質転換（例えば、トランスフェクション、エレクトロポレーション）により宿主細胞に導入され得、ここで、付加される分子は、宿主ゲノムに組み込まれ得るか、又は一過性（例えば、ｍＲＮＡ）若しくは２世代以上にわたって半安定的（例えば、エピソームウイルスベクター、プラスミド若しくは他の自己複製ベクター）のいずれかで染色体外遺伝材料として存在することができる。

【０２４１】

本明細書で使用される場合、標的部位への配列の「挿入」は、標的部位におけるＤＮＡ配列の正味の付加を指し、例えば、ここで、非編集標的部位におけるコグネイト位置を有さない異種目的配列における新たなヌクレオチドがある。一部の実施形態では、標的核酸配列に対するＰＢＳ配列及び異種目的配列のヌクレオチドアラインメントが、標的核酸配列におけるアラインメントギャップをもたらすであろう。

【０２４２】

本明細書で使用される場合、標的部位における異種目的配列によって生成される「欠失」は、標的部位におけるＤＮＡ配列の正味の欠失を指し、例えば、ここで、異種目的配列におけるコグネイト位置を有さない非編集標的部位におけるヌクレオチドがある。一部の実施形態では、標的核酸配列に対するＰＢＳ配列及び異種目的配列のヌクレオチドアラインメントが、ＰＢＳ配列及び異種目的配列を含む分子におけるアラインメントギャップをもたらすであろう。

【０２４３】

本明細書中で用いられる用語「逆位末端反復」又は「ＩＴＲ」は、その対称性のためそう命名されたＡＡＶウイルスシスエレメントを指す。そのエレメントは、ＡＡＶゲノムの有効な増加を促進する。ＩＴＲ機能のための最小エレメントは、Ｒｅｐ結合部位（ＲＢＳ；ＡＡＶ２のための５’－ＧＣＧＣＧＣＴＣＧＣＴＣＧＣＴＣ－３’；配列番号４６０１）及び末端分離部位（ＴＲＳ；ＡＡＶ２のための５’－ＡＧＴＴＧＧ－3’）並びにヘアピン形成を可能にする可変的な回文配列であると仮定される。本発明に従えば、ＩＴＲは、少なくともこれらの３つのエレメント（ＲＢＳ、ＴＲＳ、及びヘアピンの形成を可能にする配列）を含む。加えて、本発明において、用語「ＩＴＲ」は、知られている天然のＡＡＶ

血清型のＩＴＲ（例えば血清型１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、又は１１ＡＡＶのＩＴＲ）を、異なる血清型に由来するＩＴＲエレメントの融合によって形成されるキメラＩＴＲを、そしてその機能的バリアントを指す。「機能的バリアント」は、知られているＩＴＲと、少なくとも８０％、８５％、９０％の、好ましくは少なくとも９５％の配列同一性を示し、且つＲｅｐタンパク質の存在下で前記ＩＴＲを含む配列の増加を可能にする配列を指す。

【０２４４】

「突然変異領域」という用語は、本明細書で使用される場合、標的核酸中の対応する配列と比べて、１つ又は複数の配列差を有する鋳型ＲＮＡ中の領域を指す。配列差は、例えば、置換、挿入、フレームシフト、又は欠失を含み得る。

【０２４５】

用語「（突然）変異型」は、核酸配列に適用されるとき、核酸配列内のヌクレオチドが、参照（例えば、天然）核酸配列に比して、挿入、欠失若しくは変更されていることを意味する。単一の改変が１遺伝子座で為される（点変異）、又は単一遺伝子座で複数のヌクレオチドが挿入、欠失若しくは変更される場合もある。加えて、１核酸配列内の任意の数の遺伝子座で、１つ若しくは複数の改変が為される場合もある。核酸配列は、当技術分野で公知の任意の方法によって突然変異させることができる。

【０２４６】

「核酸分子」は、ＲＮＡ及びＤＮＡ分子の両方を指し、限定しないが、相補的ＤＮＡ（「ｃＤＮＡ」）、ゲノムＤＮＡ（「ｇＤＮＡ」）及びメッセンジャーＲＮＡ（「ｍＲＮＡ」）が挙げられ、本明細書に記載される通り、ＲＮＡ鋳型のように、化学的に合成される又は組換えにより生成されるものなどの合成核酸分子も含む。核酸分子は、二本鎖又は一本鎖、環状若しくは線状であり得る。一本鎖の場合、核酸分子は、センス鎖又はアンチセンス鎖であり得る。別に記載のない限り、また一般フォーマット「配列番号」として本明細書に記載される全ての配列の例として、「配列番号１」を含む核酸は、少なくともその一部が、（ｉ）配列番号１の配列、又は（ｉｉ）配列番号１と相補的な配列のどちらかを有する核酸を指す。２つのどちらを選択するかは、配列番号１が使用される状況によって決定される。例えば、核酸がプローブとして使用される場合、２つの間の選択は、プローブが、所望の標的と相補的であるという要件によって決定される。本開示の核酸配列は、当業者に容易に理解されるように、化学的若しくは生化学的に修飾され得るか、又は非天然若しくは誘導体化ヌクレオチド塩基を含有し得る。こうした修飾として、例えば、標識、メチル化、類似体による１つ若しくは複数の自然発生的なヌクレオチドの置換、無電荷結合（例えば、メチルホスホン酸、リン酸トリエステル、ホスホロアミダート、カルバミン酸塩など）、電荷結合（例えば、ホスホロチオエート、ホスホロジチオエートなど）などのヌクレオチド間修飾、ペンダント部分、（例えば、ポリペプチド）、挿入剤（例えば、アクリジン、ソラレンなど）、キレート剤、アルキル化剤、及び修飾結合（例えば、α－アノマー核酸など）が挙げられる。化学修飾塩基（例えば、以下の表１３を参照）、バックボーン（例えば、以下の表１４を参照）、及び修飾キャップ（例えば、以下の表１５を参照）も含まれる。水素結合及びその他の化学的相互作用により指定配列と結合する能力についてポリヌクレオチドを模倣する合成分子も含まれる。こうした分子は、当技術分野において公知であり、例えば、分子の骨格中のリン酸結合の代わりにペプチド結合を使用するもの、例えばペプチド核酸（ＰＮＡ）がある。他の修飾として、例えば、リボース環が、架橋部分又は「ロックド」核酸（ＬＮＡ）に見いだされる修飾などの他の構造を含む類似体を挙げることができる。種々の実施形態において、核酸は、追加の遺伝的エレメント、例えば、組織特異的発現－制御配列（例えば、組織特異的プロモータ及び組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列）並びに追加のエレメント、例えば逆位反復（例えば逆位末端反復、例えば、ウイルスに由来するエレメント（例えばＡＡＶ　ＩＴＲ））及びタンデム反復、逆位反復／直接反復、相同領域（標的ＤＮＡに対する相同性の程度が異なるセグメント）、非翻訳領域（ＵＴＲ）（５’、３’、又は５’と３’両方のＵＴＲ）並びに前述のものの種々の組合せと作用関連している。本発明によって提供されるシステムの核酸エレメ

ントは、一本鎖、二本鎖の、環状、直鎖状、オープンエンドの直鎖状、クローズドエンドの直鎖状、及びこれらの特定のバージョン、例えばｄｏｇｇｙｂｏｎｅ　ＤＮＡ（ｄｂＤＮＡ）、クローズドエンドのＤＮＡ（ｃｅＤＮＡ）が挙げられる種々のトポロジーで提供され得る。

【０２４７】

本明細書で使用される場合、「遺伝子発現単位」は、少なくとも１つのエフェクター配列に作動可能に連結された少なくとも１つの調節核酸配列を含む核酸配列である。第１の核酸配列は、第１の核酸配列が、第２の核酸配列と機能的に関連して配置されるとき、第２の核酸配列と作動可能に連結している。例えば、プロモータ又はエンハンサーは、プロモータ又はエンハンサーが、コード配列の転写若しくは発現に影響を及ぼす場合、コード配列と作動可能に連結している。作動可能に連結したＤＮＡ配列は、連続的又は非連続であり得る。２つのタンパク質コード領域を連結する必要がある場合、作動可能に連結した配列が同じリーディングフレーム内に存在し得る。

【０２４８】

「宿主ゲノム」又は「宿主細胞」という用語は、本明細書で使用される場合、タンパク質及び／又は遺伝材料が導入された細胞及び／又はそのゲノムを指す。こうした用語は、特定の対象細胞及び／又はゲノムだけではなく、そのような細胞の子孫及び／又はそのような細胞の子孫のゲノムも指す。特定の修飾は、突然変異又は環境の影響により後の世代に起こり得ることから、こうした子孫は、実際、親細胞と同一ではない場合もあるが、やはり本明細書で使用される用語「宿主細胞」の範囲に含まれることを理解されたい。宿主ゲノム又は宿主細胞は、単離された細胞若しくは培養で増殖した細胞株又はそうした細胞若しくは細胞株から単離されたゲノム物質であり得るか、或いは生体組織若しくは生物を構成する宿主細胞又は宿主ゲノムであり得る。いくつかの事例では、宿主細胞は、例えば、本明細書で記載されるように、動物細胞又は植物細胞であり得る。特定の例では、宿主細胞は、哺乳動物細胞、ヒト細胞、鳥類細胞、爬虫類細胞、ウシ細胞、ウマ細胞、ブタ細胞、ヤギ細胞、ヒツジ細胞、ニワトリ細胞、又はシチメンチョウ細胞であり得る。特定の例では、宿主細胞は、トウモロコシ細胞、ダイズ細胞、コムギ細胞、又はコメ細胞であり得る。

【０２４９】

本明細書中で用いられる「作用関連」は、２つの核酸配列、例えば１）プロモータと、２）異種目的配列との機能的関係を説明し、そしてそのような例では、プロモータ及び異種目的配列（例えば、注目する遺伝子）は、適切な条件の下で、プロモータが異種目的配列の発現を駆動するように、向きを定められていることを意味する。例えば、プロモータと異種目的配列とを有する鋳型核酸は、例えば、（＋）又は（－）の向きの一本鎖であり得る。この鋳型中のプロモータと異種目的配列との間の「作用関連」は、鋳型核酸が特定の状態で転写されることとなるか否かに拘らず、適切な状態にある（例えば、必要とされる触媒因子及びＮＴＰその他の存在下で、（＋）の向きである）場合、正確に転写されることを意味する。作用関連は、他の組織特異的発現制御配列（例えば、エンハンサー、リプレッサ、及びマイクロＲＮＡ認識配列）、ＩＲ／ＤＲ、ＩＴＲ、ＵＴＲ、又は相同領域、及び異種目的配列、又はレトロウイルスＲＴドメインをコードする配列が挙げられる、核酸の他の対に類似して当て嵌まる。

【０２５０】

本明細書中で用いられる「ステム－ループ配列」は、自己相補性がステム－ループを形成するのに十分な、例えば、少なくとも２（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０）塩基対を含むステム、及び少なくとも３（例えば４）塩基対を有するループを有する、核酸配列（例えばＲＮＡ配列）を指す。ステムは、ミスマッチ又はバルジを含み得る。

【０２５１】

本明細書中で用いられる「組織特異的発現－制御配列」は、異種目的配列を、標的組織内に組織特異的に、例えばオフターゲット組織と比較してオンターゲット組織内に優先的

に含む転写産物のレベルを増減する核酸エレメントを意味する。一部の実施形態において、組織特異的発現－制御配列は、異種目的配列を、標的組織内に組織特異的に、例えばオフターゲット組織と比較してオンターゲット組織内に優先的に含む転写産物の転写、活性、又は半減期を優先的に駆動又は抑制する。例示的な組織特異的発現－制御配列は、組織特異的プロモータ、リプレッサ、エンハンサー又はそれらの組合せ、及び組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を含む。組織特異性は、オンターゲット（鋳型核酸の発現又は活性が所望されるか、又は容認できる組織）、及びオフターゲット（鋳型核酸の発現又は活性が所望されないか、又は容認できない組織）を指す。例えば、組織特異的プロモータは、オフターゲット組織と比較して、オンターゲット組織内で優先的に発現を駆動する。これに対し、組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列に結合するマイクロＲＮＡは、オンターゲット組織と比較して、オフターゲット組織内で優先的に発現されることにより、オフターゲット組織内での鋳型核酸の発現を引き下げる。従って、同じ組織、例えば標的組織に特有のプロモータ及びマイクロＲＮＡ認識配列は、組織内での関連配列の転写、活性、又は半減期に関して、対照的な機能を有する（発現レベルを一致させて、すなわち、オフターゲット組織内でのマイクロＲＮＡの高いレベル、及びオンターゲット組織内での低いレベルをそれぞれ促進且つ抑制する一方、プロモータは、オンターゲット組織内での高い発現、及びオフターゲット組織内での低い発現を駆動する）。

【０２５２】

見出し一覧

１）導入
２）遺伝子組換えシステム
ａ）遺伝子組換えシステムのポリペプチド成分
ｉ）ライティングドメイン
ｉｉ）エンドヌクレアーゼドメイン及びＤＮＡ結合ドメイン
（１）Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド
（２）ＴＡＬエフェクター及びジンクフィンガーヌクレアーゼ
ｉｉｉ）リンカー
ｉｖ）遺伝子組換えシステムのための局在化配列
ｖ）遺伝子組換えポリペプチド及びシステムの進化型変異体
ｖｉ）インテイン
ｖｉｉ）更なるドメイン
ｂ）鋳型核酸
ｉ）ｇＲＮＡスペーサー及びｇＲＮＡスカフォールド
ｉｉ）異種目的配列
ｉｉｉ）ＰＢＳ配列
ｉｖ）例示的な鋳型配列
ｃ）誘導性活性を有するｇＲＮＡ
ｄ）遺伝子組換えシステムにおける環状ＲＮＡ及びリボザイム
ｅ）標的核酸部位
ｆ）第２の鎖ニッキング
３）組成物及びシステムの作製
４）治療用途
５）投与及び送達
ａ）組織特異的活性／投与
ｉ）プロモータ
ｉｉ）ｍｉｃｒｏＲＮＡ
ｂ）ウイルスベクター及びその成分
ｃ）ＡＡＶ投与
ｄ）脂質ナノ粒子
６）キット、製品、及び医薬組成物

７）化学、製造、及び制御（ＣＭＣ）

【０２５３】

導入

本開示は、例えば、インビボ又はインビトロで、細胞、組織若しくは対象におけるＤＮＡ配列内の１つ若しくは複数の位置で、ＤＮＡ配列をターゲティング、編集、修飾若しくは操作する（例えば、哺乳動物ゲノムの標的部位に異種目的配列を挿入する）方法、組成物に関する。異種目的ＤＮＡ配列は、例えば、置換、欠失、挿入、例えばコード配列、調節配列又は遺伝子発現単位を含み得る。

【０２５４】

本開示は、例えば、目的の配列中に／から１つ又は複数のヌクレオチドを挿入するか、欠失させるか又は置換することにより、目的のゲノムＤＮＡ配列を改変するための逆転写酵素ベースのシステムを用いて疾患を処置する方法も提供する。

【０２５５】

本開示は、部分的に、遺伝子組換えポリペプチド成分及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）成分を含む遺伝子組換えシステムを用いて、疾患を処置する方法を提供する。一部の実施形態において、遺伝子組換えシステムを用いて、ゲノム内の標的部位中に改変を導入することができる。一部の実施形態において、遺伝子組換えポリペプチド成分は、ライティングドメイン（例えば逆転写酵素ドメイン）、ＤＮＡ結合ドメイン、及びエンドヌクレアーゼドメイン（例えばニッカーゼドメイン）を含む。一部の実施形態において、鋳型核酸（例えば鋳型ＲＮＡ）は、ゲノム内の標的部位に結合する（例えば、標的部位の第２の鎖に結合する）配列（例えばｇＲＮＡスペーサー）、遺伝子組換えポリペプチド成分に結合する配列（例えばｇＲＮＡスカフォールド）、異種目的配列及びＰＢＳ配列を含む。理論によって拘束されることを望むものではないが、鋳型核酸（例えば鋳型ＲＮＡ）は、ゲノム内の標的部位の第２の鎖に結合して、遺伝子組換えポリペプチド成分に結合する（例えば、ゲノム内の標的部位にポリペプチド成分を局在化させる）と考えられる。遺伝子組換えポリペプチド成分のエンドヌクレアーゼ（例えばニッカーゼ）は、標的部位（例えば、標的部位の第１の鎖）を切断して、例えば、ＰＢＳ配列が、標的部位の第１の鎖上で改変されることとなる部位に隣接する配列に結合し得ると考えられる。ポリペプチド成分のライティングドメイン（例えば、逆転写酵素ドメイン）は、プライマーとしての鋳型核酸のＰＢＳ配列及び鋳型としての鋳型核酸の異種目的配列を含む相補的配列に結合された標的部位の第１の鎖を用いて、例えば、異種目的配列に相補的な配列を重合すると考えられる。理論によって拘束されることを望むものではないが、適切な異種目的配列の選択は、標的部位での１つ以上のヌクレオチドの置換、欠失及び／又は挿入をもたらし得ると考えられる。

【０２５６】

遺伝子組換えシステム

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムは、（Ａ）遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸を含み、ここで、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）逆転写酵素ドメイン、及び（ｘ）ＤＮＡ結合機能性を含むエンドヌクレアーゼドメイン又は（ｙ）エンドヌクレアーゼドメイン及び別個のＤＮＡ結合ドメインのいずれか；並びに（Ｂ）鋳型ＲＮＡを含む。遺伝子組換えポリペプチドは、一部の実施形態では、宿主機構に実質的に依存せずに、鋳型核酸配列を、標的ＤＮＡ分子（例えば、宿主細胞内のゲノムＤＮＡ分子などの、哺乳動物宿主細胞内）に組み込むことが可能な実質的に自律的なタンパク質機構として働く。例えば、遺伝子組換えタンパク質は、ＤＮＡ結合ドメイン、逆転写酵素ドメイン、及びエンドヌクレアーゼドメインを含み得る。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合機能は、タンパク質をＤＮＡ配列に導くＲＮＡ成分、例えば、ｇＲＮＡスペーサーを含み得る。他の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、逆転写酵素ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメインを含み得る。遺伝子組換えシステムのＲＮＡ鋳型エレメントは、典型的に、遺伝子組換えポリペプチドエレメントに対して異種であり、宿主ゲノム内に挿入（逆転写）される目的配列を提供する。一部の

実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、標的プライミング逆転写が可能である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第２の鎖合成が可能である。

【０２５７】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、第２のポリペプチドと組み合わされる。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、エンドヌクレアーゼドメインを含み得る。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、ポリメラーゼドメイン、例えば、逆転写酵素ドメインを含み得る。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼドメインを含み得る。一部の実施形態では、第２のポリペプチドは、例えば、第２の鎖合成又はＤＮＡ修復回復に寄与することにより、ゲノム編集の完了を補助する。

【０２５８】

機能的遺伝子組換えポリペプチドは、無関係なＤＮＡ結合、逆転写、及びエンドヌクレアーゼドメインから構成され得る。このモジュラー構造は、機能ドメイン、例えば、ｄＣａｓ９（ＤＮＡ結合）、ＭＭＬＶ逆転写酵素（逆転写）、ＦｏｋＩ（エンドヌクレアーゼ）の組合せを可能にする。一部の実施形態では、複数の機能ドメインは、単一のタンパク質、例えば、Ｃａｓ９又はＣａｓ９ニッカーゼ（ＤＮＡ結合、エンドヌクレアーゼ）から起こることがある。

【０２５９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、集合的に、１）鋳型核酸への結合、２）標的ＤＮＡ分子への結合を促進し、３）鋳型核酸の少なくとも一部の、標的ＤＮＡへの組み込みを促進する１つ又は複数のドメインを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、対応する天然配列に対する１つ又は複数のアミノ酸置換を含む改変されたポリペプチドである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、それ以外には野生型ドメインの異種融合（又は他のコンジュゲート）並びに修飾ドメインの融合による、例えば、異種サブドメイン又は他の置換ドメインの置換又は融合による、互いに対して異種である２つ以上のドメインを含む。例えば、一部の実施形態では、ＲＴドメインが、ＤＢＤに対して異種であるか；ＤＢＤが、エンドヌクレアーゼドメインに対して異種であるか；又はＲＴドメインが、エンドヌクレアーゼドメインに対して異種であるかの１つ又は複数である。

【０２６０】

一部の実施形態では、システムにおける使用のための鋳型ＲＮＡ分子は、５’から３’に、（１）ｇＲＮＡスペーサー；（２）ｇＲＮＡスカフォールド；（３）異種目的配列（４）プライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含む。一部の実施形態では：

（１）約１８～２２ｎｔのｇＲＮＡスペーサーであり、例えば、２０ｎｔであり、

（２）１つ又は複数のヘアピンループ、例えば、鋳型を、Ｃａｓドメイン、例えば、ニッカーゼＣａｓ９ドメインと会合するための１、２、又は３つのループを含むｇＲＮＡスカフォールドである。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスカフォールドは、５’から３’にかけて、ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＧＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＣＣ（配列番号５００８）の配列を含む。

（３）一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、例えば、７～７４、例えば、１０～２０、２０～３０、３０～４０、４０～５０、５０～６０、６０～７０、又は７０～８０ｎｔ若しくは８０～９０ｎｔである。一部の実施形態では、配列の第１の（大抵５’）塩基は、Ｃでない。

（４）一部の実施形態では、ニッキングが起きた後、標的プライミング配列に結合するＰＢＳ配列は、例えば、３～２０ｎｔ、例えば、７～１５ｎｔ、例えば、１２～１４ｎｔである。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、４０～６０％のＧＣ含量を有する。

【０２６１】

一部の実施形態では、システムと会合される第２のｇＲＮＡは、完全な組み込みの駆動を補助し得る。一部の実施形態では、第２のｇＲＮＡは、第１の鎖ニックから０～２００

ｎｔ離れた、例えば、第１の鎖ニックから０～５０、５０～１００、１００～２００ｎｔ離れた位置を標的にし得る。一部の実施形態では、第２のｇＲＮＡは、編集がなされた後、その標的配列にのみ結合することができ、例えば、ｇＲＮＡは、異種目的配列内に存在するが、初期標的配列内に存在しない配列に結合する。

【０２６２】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを使用して、ＨＥＫ２９３、Ｋ５６２、Ｕ２ＯＳ、又はＨｅＬａ細胞に編集を実施する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムを使用して、初代細胞、例えば、Ｅ１８．５マウスからの初代皮質ニューロンに編集を実施する。

【０２６３】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、ＭｏＭＬＶＲＴ配列又はその変異体を含む逆転写酵素又はＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）を含む。複数の実施形態では、ＭｏＭＬＶ　ＲＴ配列は、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｔ３０６Ｋ、Ｗ３１３Ｆ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｄ６５３Ｎ、Ｒ１１０Ｓ、及びＫ１０３Ｌから選択される１つ又は複数の突然変異を含む。複数の実施形態では、ＭｏＭＬＶ　ＲＴ配列は、任意選択で、Ｔ３０６Ｋ及び／又はＷ３１３Ｆを更に含む、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、及びＴ３３０Ｐなどの突然変異の組合せを含む。

【０２６４】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、例えば、Ｈ８４０Ａ突然変異を含む、ｎＣＡＳ９を含む。

【０２６５】

一部の実施形態では、（例えば、本明細書に記載されるシステムの）異種目的配列は、約１～５０、５０～１００、１００～２００、２００～３００、３００～４００、４００～５００、５００～６００、６００～７００、７００～８００、８００～９００、９００～１０００、又はそれ以上のヌクレオチド長である。

【０２６６】

一部の実施形態では、ＲＴ及びエンドヌクレアーゼドメインは、例えば、アミノ酸配列ＳＧＧＳＳＧＧＳＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳＳＧＧＳＳＧＧＳＳ（配列番号５００６）を含む、フレキシブルリンカーによって連結される。

【０２６７】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＲＴドメインに対するＮ末端である。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＲＴドメインに対するＣ末端である。

【０２６８】

一部の実施形態では、システムは、例えば、本明細書に記載のように、ＴＰＲＴによって異種目的配列を標的部位に組み込む。

【０２６９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＲＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、Ｂ－ボックスタンパク質のＲＮＡ結合ドメイン、ＭＳ２コートタンパク質、ｄＣａｓ、又は本明細書中の表の配列のエレメントを含む。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、標準ＲＮＡ結合ドメインより高い親和性で鋳型ＲＮＡに結合することができる。

【０２７０】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５若しくは１００ヌクレオチド（及び任意選択で５００以下、４００、３００、２００、又は１００ヌクレオチド）の標的部位に挿入を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも１、

２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５若しくは１００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００、２００若しくは１００ヌクレオチド以下）の標的部位に挿入を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも０．２、０．３、０．４、０．５、０．６、０．７、０．８、０．９、１、１．５、２、２．５、３、３．５、４、４．５、５、５．５、６、６．５、７、７．５、８、８．５、９、９．５又は１０キロベース（及び任意選択で１、５、１０又は２０キロベース以下）の標的部位に挿入を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも８１、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００若しくは２００ヌクレオチド以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも８１、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００若しくは２００ヌクレオチド以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド（及び任意選択で５００、４００、３００若しくは２００ヌクレオチド以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも０．２、０．３、０．４、０．５、０．６、０．７、０．８、０．９、１、１．５、２、２．５、３、３．５、４、４．５、５、５．５、６、６．５、７、７．５、８、８．５、９、９．５若しくは１０キロベース（及び任意選択で１、５、１０若しくは２０キロベース以下）の欠失を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０若しくは１００又はそれ以上のヌクレオチドの標的部位に置換を生成することができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、１～２、２～３、３～４、４～５、５～１０、１０～１５、１５～２０、２０～３０、３０～４０、４０～５０、５０～６０、６０～７０、７０～８０、８０～９０若しくは９０～１００ヌクレオチドの標的部位に置換を生成することができる。

【０２７１】

一部の実施形態では、置換は、塩基転位型突然変異である。一部の実施形態では、置換は、トランスバージョン突然変異である。一部の実施形態では、置換は、アデニンをチミンに、アデニンをグアニンに、アデニンをシトシンに、グアニンをチミンに、グアニンをシトシンに、グアニンをアデニンに、チミンをシトシンに、チミンをアデニンに、チミンをグアニンに、シトシンをアデニンに、シトシンをグアニンに、又はシトシンをチミンに変換する。

【０２７２】

一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、プロモータ又はエンハンサー内の配列、例えば転写因子に結合する配列を改変し、付加し、又は欠失させることにより、遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、遺伝子の翻訳を改変し（例えば、アミノ酸配列を改変し）、開始若しくは停止コドンを挿入するか若しくは欠失させ、遺伝子の翻訳フレームを改変若しくは修復する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、例えば、スプライスアクセプター又はドナー部位を挿入し、欠失させ、又は改変することにより、遺伝子のスプライシングを改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、転写物又はタンパク質の半減期を改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又は

それらの組合せは、細胞におけるタンパク質局在化を改変する（例えば、細胞質からミトコンドリアにかけて、細胞質から細胞外空間内へ（例えば、分泌タグを付加する））。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、タンパク質フォールディングを改変する（例えば、改善する）（例えば、ミスフォールドタンパク質の蓄積を阻止するため）。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、遺伝子、例えば、遺伝子によってコードされるタンパク質の活性を改変し、増加させ、減少させる。

【０２７３】

例示的な遺伝子組換えポリペプチド、及びそれらを含むシステム及びそれらを使用する方法が、例えば、アミノ酸及びその中の核酸配列を含め、レトロウイルスＲＴドメインに関して参照により本明細書に組み込まれるＰＣＴ／ＵＳ２０２１／０２０９４８号明細書に記載される。

【０２７４】

例示的な遺伝子組換えポリペプチド及びレトロウイルスＲＴドメイン配列は、例えば、２０２１年３月４日に出願された国際特許出願番号ＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書、例えばその中の表３０、表３１及び表４４にも記載され；この出願全体が例えば前記配列及び表中のレトロウイルスＲＴに関して参照により本明細書に組み込まれる。従って、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、この段落に記載された表のいずれかに従うアミノ酸配列又はそのドメイン（例えば、レトロウイルスＲＴドメイン）、又は上記のいずれかのその機能的フラグメント若しくはバリアント、又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含み得る。

【０２７５】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムのいずれかにおける使用のためのポリペプチドは、複数の相同タンパク質の整列されたポリペプチド配列に基づく、分子再構築体又は祖先再構築体であり得る。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムのいずれかにおける使用のための逆転写酵素ドメインは、分子再構築体若しくは祖先再構築体であり得、又は同じ又は異なる源からの逆転写酵素ドメインのアラインメントに基づいて、特定の残基において修飾され得る。当業者は、本明細書に提供される受入番号に基づき、例えば、保存ドメイン分析のためのＢａｓｉｃ Ｌｏｃａｌ Ａｌｉｇｎｍｅｎｔ Ｓｅａｒｃｈ Ｔｏｏｌ（ＢＬＡＳＴ）又はＣＤ－Ｓｅａｒｃｈのような常用の配列分析ツールを使用することにより、ポリペプチド又は核酸配列を整列させることができる。分子再構築体は、配列コンセンサスに基づき、例えば、Ｉｖｉｃｓ ｅｔ ａｌ．，Ｃｅｌｌ １９９７，５０１－５１０；Ｗａｇｓｔａｆｆ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ ａｎｄ Ｅｖｏｌｕｔｉｏｎ ２０１３，８８－９９に記載の手法を用いて作製され得る。

【０２７６】

遺伝子組換えシステムのポリペプチド成分

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ標的部位結合、鋳型核酸（例えば、ＲＮＡ）結合、ＤＮＡ標的部位切断、及び鋳型核酸（例えば、ＲＮＡ）ライティング、例えば、逆転写の機能を有する。一部の実施形態では、各機能は、異なるドメイン内に含まれる。一部の実施形態では、機能は、２つ以上のドメインに起因し得る（例えば、２つ以上のドメインは、一緒に機能性を示す）。一部の実施形態では、２つ以上のドメインは、同一又は類似機能を有し得る（例えば、２つ以上のドメインは、それぞれ独立して、例えば、２つの異なるＤＮＡ配列において、ＤＮＡ結合機能性を有する）。他の実施形態では、１つ又は複数のドメインは、１つ又は複数の機能を実行可能であり、例えば、Ｃａｓ９ドメインは、ＤＮＡ結合及び標的部位切断の両方を実行可能であり得る。一部の実施形態では、ドメインは全て、単一のポリペプチド内部に位置する。一部の実施形態では、第１ドメインは、第１ポリペプチド中に存在し、第２ドメインは、第２ポリペプチド中に存在する。例えば、一部の実施形態では、配列は、第１ポリペプチドと第２ポリペプ

チドとの間で分割され得、例えば、第１ポリペプチドは、逆転写酵素（ＲＴ）ドメインを含み、且つ第２ポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメイン、例えばニッカーゼドメインを含む。更なる例として、一部の実施形態では、第１ポリペプチド及び第２ポリペプチドのそれぞれは、ＤＮＡ結合ドメイン（例えば、第１ＤＮＡ結合ドメイン及び第２ＤＮＡ結合ドメイン）を含む。一部の実施形態では、第１及び第２のポリペプチドは、翻訳後、スプリットインテインを介して結合されて、単一の遺伝子組換えポリペプチドを形成し得る。

【０２７７】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＡＶＩＲＥ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２７８】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＢＡＥＶＭ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２７９】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＦＦＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び

ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；

ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２８０】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＦＬＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、

９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８１】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＦＯＡＭＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８２】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＧＡＬＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８３】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＫＯＲＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８４】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、

標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＡＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８５】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＢＭ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８６】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＣＢ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８７】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＦＦ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０２８８】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＭＳ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２８９】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＰＥＲＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９０】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＦＶ１　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９１】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン

、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９２】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＷＭＳＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９３】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＸＭＲＶ６　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９４】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＢＬＶＡＵ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９５】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＢＬＶＪ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）

を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９６】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ１Ａ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９７】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ１Ｃ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９８】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ１Ｌ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０２９９】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ３２　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミ

ノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３００】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬ３Ｐ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０１】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＨＴＬＶ２　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０２】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＪＳＲＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０３】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＦ５　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸

配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０４】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＬＶＲＤ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０５】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＭＴＶＢ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０６】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＭＰＭＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０７】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、

ＳＦＶＣＰ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０８】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＭＲＶＨ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３０９】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＲＶ１　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３１０】
一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＳＲＶ２　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。
【０３１１】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドであって、
標的核酸配列に結合するＤＮＡ結合ドメイン（ＤＢＤ）、
ＷＤＳＶ　ＲＴのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列、及び
ＤＢＤとＲＴドメインとの間に配置されるリンカー（例えば、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー）
を含み；
ＤＢＤは、ＲＴドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）に対して異種であり；任意選択で、ＲＴドメインが、ＣａｓドメインのＣ末端である、遺伝子組換えポリペプチドを提供する。

【０３１２】

遺伝子組換えドメイン（ＲＴドメイン）

本発明の特定の態様では、遺伝子組換えシステムの遺伝子組換えドメインは、逆転写酵素活性を有し、逆転写酵素ドメイン（ＲＴドメイン）とも称される。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、ＲＴ触媒部分、ＲＮＡ結合領域（例えば、鋳型ＲＮＡに結合する領域）を含む。

【０３１３】

一部の実施形態では、逆転写酵素をコードする核酸は、例えばヒト細胞について改善された、改変されたコドン使用を有するように、その天然配列から改変される。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、レトロウイルスからの異種の逆転写酵素である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドを含むＲＴドメインは、その元のアミノ酸配列から突然変異されている、例えば、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、２０、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０若しくは１００の置換を有する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、レトロウイルスのＲＴ、例えば、ＨＩＶ－１　ＲＴ、モロニーマウス白血病ウイルス（Ｍｏｌｏｎｅｙ　Ｍｕｒｉｎｅ　Ｌｅｕｋｅｍｉａ　Ｖｉｒｕｓ）（ＭＭＬＶ）ＲＴ、トリ骨髄芽球症ウイルス（ａｖｉａｎ　ｍｙｅｌｏｂｌａｓｔｏｓｉｓ　ｖｉｒｕｓ）（ＡＭＶ）ＲＴ、又はラウス肉腫ウイルス（Ｒｏｕｓ　Ｓａｒｃｏｍａ　Ｖｉｒｕｓ）（ＲＳＶ）ＲＴに由来する。

【０３１４】

一部の実施形態では、レトロウイルス逆転写酵素（ＲＴ）ドメインは、ターゲットプライム逆転写（ＴＰＲＴ）開始の、例えば内因性ＲＴドメインと比較して増加したストリンジェンシーを示す。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、第１の鎖ニックの直ぐ上流の標的部位内の３ｎｔ、例えばＲＮＡ鋳型をプライムするゲノムＤＮＡが、ＲＮＡ鋳型中の相同性の３ｎｔに対して少なくとも６６％若しくは１００％の相補性を有するとき、ＴＰＲＴを開始する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、鋳型ＲＮＡの相同性と標的ＤＮＡプライミング逆転写との間で５ｎｔ未満が一致しない（例えば、１、２、３、４又は５ｎｔ未満が一致しない）とき、ＴＰＲＴを開始する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、ＴＰＲＴ反応のプライミングでのミスマッチにおけるストリンジェンシーが増加するように修飾され、例えば、ＲＴドメインは、野生型（例えば、非修飾）ＲＴドメインと比較して、プライミング領域内でのミスマッチを全く許容しないか、又はミスマッチをより少なければ許容する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、ＨＩＶ－１　ＲＴドメインを含む。複数の実施形態では、ＨＩＶ－１　ＲＴドメインは、代替的なＲＴドメイン（例えば、Ｊａｍｂｕｒｕｔｈｕｇｏｄａ　ａｎｄ　Ｅｉｃｋｂｕｓｈ　Ｊ　Ｍｏｌ　Ｂｉｏｌ　４０７（５）：６６１－６７２（２０１１）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）によって記載のとおり）と比較して、３つのヌクレオチドミスマッチであっても、より低いレベルで合成を開始する。

【０３１５】

一部の実施形態では、ＲＴドメインは、二量体（例えば、ヘテロ二量体又はホモ二量体

）を形成する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、単量体である。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、天然には単量体又は二量体（例えば、ヘテロ二量体又はホモ二量体）として機能する。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、天然には単量体として機能する、例えば、単量体として機能するウイルスに由来する。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、マウス白血病ウイルス（ｍｕｒｉｎｅ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＭＬＶ；時としてＭｏＭＬＶと称される）（例えば、Ｐ０３３５５）、ブタ内因性レトロウイルス（ｐｏｒｃｉｎｅ ｅｎｄｏｇｅｎｏｕｓ ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）（ＰＥＲＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｑ４ＶＦＺ２）、マウス乳腺腫瘍ウイルス（ｍｏｕｓｅ ｍａｍｍａｒｙ ｔｕｍｏｒ ｖｉｒｕｓ）（ＭＭＴＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６５）、マソン・ファイザー・サルウイルス（Ｍａｓｏｎ－Ｐｆｉｚｅｒ ｍｏｎｋｅｙ ｖｉｒｕｓ）（ＭＰＭＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０７５７２）、ウシ白血病ウイルス（ｂｏｖｉｎｅ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＢＬＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６１）、ヒトＴ細胞白血病ウイルス－１（ｈｕｍａｎ Ｔ－ｃｅｌｌ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ－１）（ＨＴＬＶ－１）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６２）、ヒト泡沫状ウイルス（ｈｕｍａｎ ｆｏａｍｙ ｖｉｒｕｓ）（ＨＦＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１４３５０）、サル泡沫状ウイルス（ｓｉｍｉａｎ ｆｏａｍｙ ｖｉｒｕｓ）（ＳＦＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ２３０７４）若しくはウシ泡沫状／シンシチウムウイルス（ｂｏｖｉｎｅ ｆｏａｍｙ／ｓｙｎｃｙｔｉａｌ ｖｉｒｕｓ）（ＢＦＶ／ＢＳＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｏ４１８９４）、又はその機能性断片若しくは変異体（例えば、それと少なくとも７０％、８０％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）からのＲＴドメインから選択される。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、その天然機能性において二量体である。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、二量体として機能するウイルスに由来する。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、トリ肉腫／白血病ウイルス（ａｖｉａｎ ｓａｒｃｏｍａ／ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＡＳＬＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ａ０Ａ１４２ＢＫＨ１）、ラウス肉腫ウイルス（Ｒｏｕｓ ｓａｒｃｏｍａ ｖｉｒｕｓ）（ＲＳＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３５４）、トリ骨髄芽球症ウイルス（ａｖｉａｎ ｍｙｅｌｏｂｌａｓｔｏｓｉｓ ｖｉｒｕｓ）（ＡＭＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｑ８３１３３）、ヒト免疫不全ウイルスＩ型（ｈｕｍａｎ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ ｔｙｐｅ Ｉ）（ＨＩＶ－１）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３６９）、ヒト免疫不全ウイルスＩＩ型（ｈｕｍａｎ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ ｔｙｐｅ ＩＩ）（ＨＩＶ－２）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１５８３３）、サル免疫不全ウイルス（ｓｉｍｉａｎ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ）（ＳＩＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０５８９６）、ウシ免疫不全ウイルス（ｂｏｖｉｎｅ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ）（ＢＩＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１９５６０）、ウマ感染性貧血ウイルス（ｅｑｕｉｎｅ ｉｎｆｅｃｔｉｏｕｓ ａｎｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＥＩＡＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ０３３７１）、又はネコ免疫不全ウイルス（ｆｅｌｉｎｅ ｉｍｍｕｎｏｄｅｆｉｃｉｅｎｃｙ ｖｉｒｕｓ）（ＦＩＶ）（例えば、ＵｎｉＰｒｏｔ Ｐ１６０８８）（Ｈｅｒｓｃｈｈｏｒｎ ａｎｄ Ｈｉｚｉ Ｃｅｌｌ Ｍｏｌ Ｌｉｆｅ Ｓｃｉ ６７（１６）：２７１７－２７４７（２０１０））、又はその機能性断片若しくは変異体（例えば、それと少なくとも７０％、８０％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）からのＲＴドメインから選択される。天然には、ヘテロ二量体ＲＴドメインは、一部の実施形態では、ホモ二量体として機能的でもあり得る。一部の実施形態では、二量体ＲＴドメインは、融合タンパク質として、例えば、ホモ二量体融合タンパク質又はヘテロ二量体融合タンパク質として発現される。一部の実施形態では、システムのＲＴ機能は、（例えば、本明細書に記載のような）複数のＲＴドメインによって満たされる。更なる実施形態では、複数のＲＴドメインは、融合されるか又は分かれており、例えば、同じポリペプチド上又は異なるポリペプチド上に存在し得る。

【０３１６】

一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、インテグラーゼドメインを含み、例えば、インテグラーゼドメインは、ＲＴドメインの一部であり得る。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、インテグラーゼドメインを含む。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、インテグラーゼドメインを欠いており、又は突然変異若しくは欠失によって不活性化されているインテグラーゼドメインを含む。一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、リボヌクレアーゼＨドメインを含み、例えば、リボヌクレアーゼＨドメインは、ＲＴドメインの一部であり得る。一部の実施形態では、ＲＮａｓｅ　Ｈドメインは、ＲＴドメインの一部ではなく、フレキシブルリンカーを介して共有結合的に連結される。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、リボヌクレアーゼＨドメイン、例えば、内因性リボヌクレアーゼＨドメイン又は異種リボヌクレアーゼＨドメインを含む。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、リボヌクレアーゼＨドメインを欠いている。一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）は、異種リボヌクレアーゼＨドメインに対して、付加、欠失、突然変異、又は交換されているリボヌクレアーゼＨドメインを含む。一部の実施形態では、ポリペプチドは、不活性化内因性ＲＮａｓｅ　Ｈドメインを含む。一部の実施形態では、ポリペプチドの他のドメインの１つからの内因性ＲＮａｓｅ　Ｈドメインは、それがポリペプチドに含まれないように遺伝子的に除去され、例えば、内因性ＲＮａｓｅ　Ｈドメインは、ドメインを含むポリペプチドから部分的に又は完全に切断される。一部の実施形態では、リボヌクレアーゼＨドメインの突然変異は、例えば、Ｋｏｔｅｗｉｃｚ　ｅｔ　ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ　Ａｃｉｄｓ　Ｒｅｓ　１６（１）：２６５－２７７（１９８８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）における方法による測定として、例えば、突然変異を有しない他の類似ドメインと比較して、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、８０％若しくは９０％だけより低い、より低いリボヌクレアーゼ活性を示すポリペプチドを生成する。一部の実施形態では、リボヌクレアーゼＨ活性は、消失する。

【０３１７】

一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異を受け、突然変異を有しない他の類似ドメインと比較して忠実度が増加する。例えば、一部の実施形態では、ＲＴドメイン内（例えば、逆転写酵素中）のＹＡＤＤ（配列番号１５４６１）又はＹＭＤＤモチーフ（配列番号１５４６２）は、ＹＶＤＤ（配列番号１５４６３）と置換される。複数の実施形態では、ＹＡＤＤ（配列番号１５４６１）、又はＹＭＤＤ（配列番号１５４６２）、又はＹＶＤＤ（配列番号１５４６３）の置換は、レトロウイルス逆転写酵素活性において、より高い忠実度をもたらす（例えば、Ｊａｍｂｕｒｕｔｈｕｇｏｄａ　ａｎｄ　Ｅｉｃｋｂｕｓｈ　Ｊ　Ｍｏｌ　Ｂｉｏｌ　２０１１に記載される；その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。

【０３１８】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、表６に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するＲＴドメインを含む。一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸は、表６に従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するＲＴドメインをコードする。

【０３１９】

【表６－１】

表6: レトロウイルスからの例示的な逆転写酵素ドメイン

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| AVIRE_P03360 | 8,001 | TAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPV RKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFD EALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQV REFLGTIGYCRLWIPGFAELAQPLYAATRGGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLD TLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIY RERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATIS | 10 |
| AVIRE_P03360_3mut | 8,002 | TAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPV RKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQV REFLGTIGYCRLWIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLD TLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIY RERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATIS | |
| AVIRE_P03360_3mutA | 8,003 | TAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPV RKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQV REFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKR LDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDT LDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIY RERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATIS | |
| BAEVM_P10272 | 8,004 | TVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVK KPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFD EALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPRE VREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKESTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKK LDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCR QVLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTH GSIYERRGLLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHIT | |
| BAEVM_P10272_3mut | 8,005 | TVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVK KPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPRE VREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKK LDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCR QVLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTH GSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHIT | |
| BAEVM_P10272_3mutA | 8,006 | TVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVK KPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFN EALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPRE VREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKL DPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQ VLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHG SIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHIT | |
| BLVAU_P25059 | 8,007 | GVLDAPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRVTNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HLPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRSYFAFTLPTPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFERALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYVSPTEEQRLQCY QTMAAHLRDLGFQVASEKTRQTPSPVPFLGQMVHERMVTYQSLPTLQISSPISLHQLQTVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKGIDDPRAIIHLSP EQQQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQAQALSSYAKTILKYYHNLPK TSLDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLVTRAEVFLTPQFSPEPIPAALCLFSDGAARRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELA GLLAGLAAAPPEPLNIWVDSKYLYSLLRTLVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIFVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL | |

【０３２０】

【表６－２】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| BLVAU_P25059_2mut | 8,008 | GVLDAPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRVTNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HLPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRSYFAFTLPTPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFQRALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYVSPTEEQRLQCY QTMAAHLRDLGFQVASEKTRQTPSPVPFLGQMVHERMVTYQSLPTLQISSPISLHQLQTVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKPIDDPRAIIHLSP EQQQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQAQALSSYAKTILKYYHNLPK TSLDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPEPIPAALCLFSDGAARRGAYCLVTRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGAARRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELA GLLAGLAAAPPEPLNIWVDSKYLYSLLRTLVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIFVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL | |
| BLVJ_P03361 | 8,009 | GVLDTPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRATNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HPPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRFYLSFTLPSPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFERALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYASPTEEQRSQCY QALAARLRDLGFQVASEKTSQTPSPVPFLGQMVHEQIVTYQSLPTLQISSPISLHQLQAVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKRHHDPRAIIQLSPE QLQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQTQALSSYAKPILKYYHNLPKTS LDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGATGRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELAGL LAAPPEPVNIWVDSKYLYSLLRTLVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| BLVJ_P03361_2mut | 8,010 | GVLDTPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRATNALTKPIPALSPGPPDLTAIPT HPPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRFYLSFTLPSPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFNRALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYASPTEEQRSQCY QALAARLRDLGFQVASEKTSQTPSPVPFLGQMVHEQIVTYQSLPTLQISSPISLHQLQAVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKRHHDPRAIIQLSPE QLQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQTQALSSYAKPILKYYHNLPKTS LDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGATGRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELAGL LAGLAAAPPEPVNIWVDSKYLYSLLRTWVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| BLVJ_P03361_2mutB | 8,011 | GVLDTPPSHIGLEHLPPPPEVPQFPLNLERLQALQDLVHRSLEAGYISPWDGPGNNPVFPVRKPNGAWRFVHDLRATNALTKPIPALSPGPPDLTAPP THPPHIICLDLKDAFFQIPVEDRFRFYLSFTLPSPGGLQPHRRFAWRVLPQGFINSPALFQRALQEPLRQVSAAFSQSLLVSYMDDILYASPTEEQRSQC YQALAARLRDLGFQVASEKTSQTPSPVPFLGQMVHEQIVTYQSLPTLQISSPISLHQLQAVLGDLQWVSRGTPTTRRPLQLLYSSLKRHHDPRAIIQLSP EQLQGIAELRQALSHNARSRYNEQEPLLAYVHLTRAGSTLVLFQKGAQFPLAYFQTPLTDNQASPWGLLLLLGCQYLQTQALSSYAKPILKYYHNLPKT SLDNWIQSSEDPRVQELLQLWPQISSQGIQPPGPWKTLITRAEVFLTPQFSPDPIPAALCLFSDGATGRGAYCLWKDHLLDFQAVPAPESAQKGELAG LLAGLAAAPPEPVNIWVDSKYLYSLLRTWVLGAWLQPDPVPSYALLYKSLLRHPAIVVGHVRSHSSASHPIASLNNYVDQL |
| FFV_O93209 | 8,012 | MDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADITCVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLD LEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPV PKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFTGDVVDL LQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPD FTELIAPLYALIPKSTKNYVFWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKG LLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKE GHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISKWKSV ADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH | |
| FFV_O93209_2mut | 8,013 | MDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADITCVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLD LEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPV PKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDL LQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPD FTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKG LLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKE GHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISKWKSV ADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH | |
| FFV_O93209_2mutA | 8,014 | MDLLKPLTVERKGVKIKGYWNSQADITCVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLD LEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPV PKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDL LQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGKLNFARNFIPD FTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKG LLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKE GHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISKWKSV ADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH | |
| FFV_O93209-Pro | 8,015 | VPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGV LIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGF LNSPGLFTGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQ SILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSTKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELK FTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI FYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNR KKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH | |
| FFV_O93209-Pro_2mut | 8,016 | VPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGV LIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGF LNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQ SILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELK FTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI FYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNR KKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH | |
| FFV_O93209-Pro_2mutA | 8,017 | VPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGV LIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGF LNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVYVDDVYISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQ SILGKLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYYNEGEKKPISYVSIVFSKTELK FTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHI |

【０３２１】

【表６－３】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | FYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNR<br>KKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVH |
| FLV_P10273 | 8,018 | TLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTL<br>FDEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSR<br>QVREFLGTAGYCRLWIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSK<br>KLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDC<br>LQILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVH<br>GEIYRRRGLLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLP |
| FLV_P10273_3mut | 8,019 | TLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTL<br>FNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSR<br>QVREFLGTAGYCRLWIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSK<br>KLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDC<br>LQILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHG<br>EIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLP |
| FLV_P10273_3mutA | 8,020 | TLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLP<br>VKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTL<br>FNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSR<br>QVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKK<br>LDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCL<br>QILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHG<br>EIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLP |
| FOAMV_P14350 | 8,021 | MNPLQLLQPLPAEIKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKKTLIKTIHGEKQQNVYYVTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTIL<br>VPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTPV<br>YPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTADV<br>VDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFAR<br>NFIPNFAELVQPLYNLIASAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLEKL<br>LTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPSQYEGVFYTDGSAI<br>KSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKKPLKHISK<br>WKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAMV_P14350_2mut | 8,022 | MNPLQLLQPLPAEIKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKKTLIKTIHGEKQQNVYYVTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTIL<br>VPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTPV<br>YPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV<br>VDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFAR<br>NFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLEKL<br>LTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPSQYEGVFYTDGSAI<br>KSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKKPLKHISK<br>WKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAMV_P14350_2mutA | 8,023 | MNPLQLLQPLPAEIKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKKTLIKTIHGEKQQNVYYVTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTIL<br>VPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTPV<br>YPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV<br>VDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLKQLQSILGKLNFAR<br>NFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLEKL<br>LTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPSQYEGVFYTDGSAI<br>KSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKKPLKHISK<br>WKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAMV_P14350-Pro | 8,024 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG<br>VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ<br>GFLNSPALFTADVVDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDLK<br>QLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQPLYNLIASAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYVF<br>SKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHPS<br>QYEGVFYTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF<br>VNNKKKPLKHISKWKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAMV_P14350-Pro_2mut | 8,025 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG<br>VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ<br>GFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDL<br>KQLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYV<br>FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHP<br>SQYEGVFYTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNG<br>FVNNKKKPLKHISKWKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| FOAMV_P14350-Pro_2mutA | 8,026 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQEKILSKTALPEDQKQQLKTLFVKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG<br>VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ<br>GFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQVYVDDIYLSHDDPKEHVQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQKTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNITPPKDL<br>KQLQSILGKLNFARNFIPNFAELVQPLYNLIAPAKGKYIEWSEENTKQLNMVIEALNTASNLEERLPEQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNETGKKPIMYLNYV<br>FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSQSPVKHP |

【０３２２】

【表６－４】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | SQYEGVFYTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHATYKPEYQVLNQWSIPLGNHTAQMAEIAAVEFACKKALKIPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNG FVNNKKKPLKHISKWKSIAECLSMKPDITIQHEKGISLQIPVFILKGNALADKLATQGSYVVN |
| GALV_P21414 | 8,027 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQKFLDLGVLVPCRSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSYTWYSVLDLKDAFFCLRLHPNSQPLFAFEWKDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFDEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYEDCKKGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQREVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPVP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKESIPFIWTEEHQQAFDHIKKALLSAPALALPDLTKPFTLYIDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLEDQPLPGVPTWYTDGSSFITEGKRRAGAPIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKNINIYTDSRYAFATAHIH GAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPRRVAIIHCPGHQRGSNPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAGTTKP |
| GALV_P21414_3mut | 8,028 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQKFLDLGVLVPCRSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSYTWYSVLDLKDAFFCLRLHPNSQPLFAFEWKDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYEDCKKGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQREVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPVP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQQAFDHIKKALLSAPALALPDLTKPFTLYIDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLEDQPLPGVPTWYTDGSSFITEGKRRAGAPIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKNINIYTDSRYAFATAHIH GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPRRVAIIHCPGHQRGSNPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAGTTKP |
| GALV_P21414_3mutA | 8,029 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQKFLDLGVLVPCRSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSYTWYSVLDLKDAFFCLRLHPNSQPLFAFEWKDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYEDCKKGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQREVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPVP TTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQQAFDHIKKALLSAPALALPDLTKPFTLYIDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL SKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLEDQPLPGVPTWYTDGSSFITEGKRRAGAPIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKNINIYTDSRYAFATAHIH GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPRRVAIIHCPGHQRGSNPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAGTTKP |
| HTL1A_P03362 | 8,030 | AVLGLEHLPRPPQISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLRDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFEMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQRHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKEQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKQILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1A_P03362_2mut | 8,031 | AVLGLEHLPRPPQISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLRDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQPHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKEQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKQILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1A_P03362_2mutB | 8,032 | AVLGLEHLPRPPQISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSPPTTLAHLQTI DLRDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQPHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKEQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKQILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1C_P14078 | 8,033 | AVLGLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLKDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWRVLPQGFKNSPTLFEMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHADLQLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPKVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQRHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTTAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1C_P14078_2mut | 8,034 | AVLGLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTIDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTI DLKDAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWRVLPQGFKNSPTLFEMQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHADLQLLSEATMASLI SHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPKVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQPHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQL RQALSQNCRSRLVQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTS DHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTTAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQRAELLGLL HGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQALLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQL |
| HTL1L_P0C211 | 8,035 | GLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTVDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTIDLK DAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFEMQLASILQPIRQAFPQCVILQYMDDILLASPSPEDLQQLSEATMASLISH GLPVSQDKTQQTPGTIKFLGQIISPNHITYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQGHTDPRDQIYLNPSQVQSLMQLQ QALSQNCRSRLAQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISIQTFNQFIQTSD HPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALTPVFTLSPIIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQQAELLGLLH GLSSARSWHCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGKSSQAPFQALLPRLLAHKVIYLHHVRSHTNLPDPISKLNALTDALLITPIL |
| HTL1L_P0C211_2mut | 8,036 | GLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTVDLSSSSPGPPDLSSLPTTLAHLQTIDLK DAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLASILQPIRQAFPQCVILQYMDDILLASPSPEDLQQLSEATMASLISH GLPVSQDKTQQTPGTIKFLGQIISPNHITYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQGHTDPRDQIYLNPSQVQSLMQLQ QALSQNCRSRLAQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIHHNISIQTFNQFIQTSD HPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALTPVFTLSPIIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQQAELLGLLH GLSSARSWHCLNIFLDSKYLYHYLRTLAWGTFQGKSSQAPFQALLPRLLAHKVIYLHHVRSHTNLPDPISKLNALTDALLITPIL |
| HTL1L_P0C2 | 8,037 | GLEHLPRPPEISQFPLNPERLQALQHLVRKALEAGHIEPYTGPGNNPVFPVKKANGTWRFIHDLRATNSLTVDLSSSSPGPPDLSSPPTTLAHLQTIDLK DAFFQIPLPKQFQPYFAFTVPQQCNYGPGTRYAWKVLPQGFKNSPTLFQMQLASILQPIRQAFPQCVILQYMDDILLASPSPEDLQQLSEATMASLISH |

【０３２３】

【表６－５】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| 11_2mutB | | GLPVSQDKTQQTPGTIKFLGQIISPNHITYDAVPTVPIRSRWALPELQALLGEIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQGHTDPRDQIYLNPSQVQSLMQLQ QALSQNCRSRLAQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDKYTLQSYGLLCQTIIHHNISIQTFNQFIQTSD HPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTFLKTAAPLAPVKALTPVFTLSPIIINTAPCLFSDGSTSQAAYILWDKHILSQRSFPLPPPHKSAQQAELLGLLH GLSSARSWHCLNIFLDSKYLYHYLRTLAWGTFQGKSSQAPFQALLPRLLAHKVIYLHHVRSHTNLPDPISKLNALTDALLITPIL |
| HTL32_Q0R5R2 | 8,038 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSVTRDLASPSPGPPDLTSLPQGLPHLRTIDLT DAFFQIPLPTIFQPYFAFTLPQPNNYGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFEQQLSHILTPVRKTFPNSLIIQYMDDILLASPAPGELAALTDKVTNALTKEGL PLSPEKTQATPGPIHFLGQVISQDCITYETLPSINVKSTWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIKLTSIQVQALRTIQKALT LNCRSRLVNQLPILALIMLRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAVIILDKYSLQHYGQVCKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSV AILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQMPQIFQNIDVLRPPFTISPVVINHAPCLFSDGSASKAAFIIWDRQVIHQQVLSLPSTCSAQAGELFGLLAGLQK SQPWVALNIFLDSKFLIGHLRRMALGAFPGPSTQCELHTQLLPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL32_Q0R5R2_2mut | 8,039 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSVTRDLASPSPGPPDLTSLPQGLPHLRTIDLT DAFFQIPLPTIFQPYFAFTLPQPNNYGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILTPVRKTFPNSLIIQYMDDILLASPAPGELAALTDKVTNALTKEGL PLSPEKTQATPGPIHFLGQVISQDCITYETLPSINVKSTWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIKLTSIQVQALRTIQKALT LNCRSRLVNQLPILALIMLRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAVIILDKYSLQHYGQVCKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSV AILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQMPQIFQNIDVLRPPFTISPVVINHAPCLFSDGSASKAAFIIWDRQVIHQQVLSLPSTCSAQAGELFGLLAGLQK SQPWVALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFPGPSTQCELHTQLLPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL32_Q0R5R2_2mutB | 8,040 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSVTRDLASPSPGPPDLTSPPQGLPHLRTIDL TDAFFQIPLPTIFQPYFAFTLPQPNNYGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILTPVRKTFPNSLIIQYMDDILLASPAPGELAALTDKVTNALTKEG LPLSPEKTQATPGPIHFLGQVISQDCITYETLPSINVKSTWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIKLTSIQVQALRTIQKAL TLNCRSRLVNQLPILALIMLRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAVIILDKYSLQHYGQVCKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSS VAILLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQMPQIFQNIDVLRPPFTISPVVINHAPCLFSDGSASKAAFIIWDRQVIHQQVLSLPSTCSAQAGELFGLLAGLQ KSQPWVALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFPGPSTQCELHTQLLPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL3P_Q4U0X6 | 8,041 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSLTRDLASPSPGPPDLTSLPQDLPHLRTIDLT DAFFQIPLPAVFQPYFAFTLPQPNNHGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFEQQLSHILAPVRKAFPNSLIIQYMDDILLASPALRELTALTDKVTNALTKEGL PMSLEKTQATPGSIHFLGQVISPDCITYETLPSIHVKSIWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIELTSTQVQALKTIQKALA LNCRSRLVSQLPILALIILRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAIITLDKYSLQHYGQICKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAIL LQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQVPQIFQNIDVLRPPFIISPVVIDHAPCLFSDGATSKAAFILWDKQVIHQQVLPLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSKP WPALNIFLDSKFLIGHLRRMALGAFLGPSTQCDLHARLFPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL3P_Q4U0X6_2mut | 8,042 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSLTRDLASPSPGPPDLTSLPQDLPHLRTIDLT DAFFQIPLPAVFQPYFAFTLPQPNNHGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILAPVRKAFPNSLIIQYMDDILLASPALRELTALTDKVTNALTKEG LPMSLEKTQATPGSIHFLGQVISPDCITYETLPSIHVKSIWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIELTSTQVQALKTIQKAL ALNCRSRLVSQLPILALIILRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAIITLDKYSLQHYGQICKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAI LLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQVPQIFQNIDVLRPPFIISPVVIDHAPCLFSDGATSKAAFILWDKQVIHQQVLPLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSK PWPALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFLGPSTQCDLHARLFPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTL3P_Q4U0X6_2mutB | 8,043 | GLEHLPPPPEVSQFPLNPERLQALTDLVSRALEAKHIEPYQGPGNNPIFPVKKPNGKWRFIHDLRATNSLTRDLASPSPGPPDLTSPPQDLPHLRTIDLT DAFFQIPLPAVFQPYFAFTLPQPNNHGPGTRYSWRVLPQGFKNSPTLFQQQLSHILAPVRKAFPNSLIIQYMDDILLASPALRELTALTDKVTNALTKEG LPMSLEKTQATPGSIHFLGQVISPDCITYETLPSIHVKSIWSLAELQSMLGELQWVSKGTPVLRSSLHQLYLALRGHRDPRDTIELTSTQVQALKTIQKAL ALNCRSRLVSQLPILALIILRPTGTTAVLFQTKQKWPLVWLHTPHPATSLRPWGQLLANAIITLDKYSLQHYGQICKSFHHNISNQALTYYLHTSDQSSVAI LLQHSHRFHNLGAQPSGPWRSLLQVPQIFQNIDVLRPPFIISPVVIDHAPCLFSDGATSKAAFILWDKQVIHQQVLPLPSTCSAQAGELFGLLAGLQKSK PWPALNIFLDSKFLIGHLRRMAWGAFLGPSTQCDLHARLFPLLQGKTVYVHHVRSHTLLQDPISRLNEATDALMLAPLLPL |
| HTLV2_P03363_2mut | 8,044 | HLPPPPQVDQFPLNLPERLQALNDLVSKALEAGHIEPYSGPGNNPVFPVKKPNGKWRFIHDLRATNAITTTLTSPSPGPPDLTSLPTALPHLQTIDLTDA FFQIPLPKQYQPYFAFTIPQPCNYGPGTRYAWTVLPQGFKNSPTLFQQQLAAVLNPMRKMFPTSTIVQYMDDILLASPTNEELQQLSQLTLQALTTHGL PISQEKTQQTPGQIRFLGQVISPNHITYESTPTIPIKSQWTLTELQVILGEIQWVSKGTPILRKHLQSLYSALHPYRDPRACITLTPQQLHALHAIQQALQH NCRGRLNPALPLLGLISLSTSGTTSVIFQPKQNWPLAWLHTPHPPTSLCPWGHLLACTILTLDKYTLQHYGQLCQSFHHNMSKQALCDFLRNSPHPSV GILIHHMGRFHNLGSQPSGPWKTLLHLPTLLQEPRLLRPIFTLSPVVLDTAPCLFSDGSPQKAAYVLWDQTILQQDITPLPSHETHSAQKGELLALICGLR AAKPWPSLNIFLDSKYLIKYLHSLAIGAFLGTSAHQTLQAALPPLLQGKTIYLHHVRSHTNLPDPISTFNEYTDSLILAPLVPL |
| JSRV_P31623 | 8,045 | PLGTSDSPVTHADPIDWKSEEPVWVDQWPLTQEKLSAAQQLVQEQLRLGHIEPSTSAWNSPIFVIKKKSGKWRLLQDLRKVNETMMHMGALQPGLPT PSAIPDKSYIIVIDLKDCFYTIPLAPQDCKRFAFSLPSVNFKEPMQRYQWRVLPQGMTNSPTLCQKFVATAIAPVRQRFPQLYLVHYMDDILLAHTDEHLL YQAFSILKQHLSLNGLVIADEKIQTHFPYNYLGFSLYPRVYNTQLVKLQTDHLKTLNDFQKLLGDINWIRPYLKLPTYTLQPLFDILKGDSDPASPRTLSLE GRTALQSIEEAIRQQQITYCDYQRSWGLYILPTPRAPTGVLYQDKPLRWIYLSATPTKHLLPYYELVAKIIAKGRHEAIQYFGMEPPFICVPYALEQQDWL FQFSDNWSIAFANYPGQITHHYPSDKLLQFASSHAFIFPKIVRRQPIPEATLIFTDGSSNGTAALIINHQTYYAQTSFSSAQVVELFAVHQALLTVPTSFNL FTDSSYVVGALQMIETVPIIGTTSPEVLNLFTLIQQVLHCRQHPCFFGHIRAHSTLPGALVQGNHTADVLTKQVFFQS |
| JSRV_P31623_2mutB | 8,046 | PLGTSDSPVTHADPIDWKSEEPVWVDQWPLTQEKLSAAQQLVQEQLRLGHIEPSTSAWNSPIFVIKKKSGKWRLLQDLRKVNETMMHMGALQPGLPT PSPIPDKSYIIVIDLKDCFYTIPLAPQDCKRFAFSLPSVNFKEPMQRYQWRVLPQGMTNSPTLCQKFVATAIAPVRQRFPQLYLVHYMDDILLAHTDEHLL YQAFSILKQHLSLNGLVIADEKIQTHFPYNYLGFSLYPRVYNTQLVKLQTDHLKTLNDFQKLLGDINWIRPYLKLPTYTLQPLFDILKGDSDPASPRTLSLE GRTALQSIEEAIRQQQITYCDYQRSWGLYILPTPRAPTGVLYQDKPLRWIYLSATPTKHLLPYYELVAKIIAKGRHEAIQYFGMEPPFICVPYALEQQDWL FQFSDNWSIAFANYPGQITHHYPSDKLLQFASSHAFIFPKIVRRQPIPEATLIFTDGSSNGTAALIINHQTYYAQTSFSSAQVVELFAVHQALLTVPTSFNL FTDSSYVVGALQMIETVPIIGTTSPEVLNLFTLIQQVLHCRQHPCFFGHIRAHSTLPGALVQGNHTADVLTKQVFFQS |
| KORV_Q9TTC1 | 8,047 | TLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLT KLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGI RPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEW RDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYL GYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTREKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFAL YVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLN ERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALT QALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTET TKN |

【０３２４】

【表６－６】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| KORV_Q9TTC1_3mut | 8,048 | TLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | 10 |
| KORV_Q9TTC1_3mutA | 8,049 | TLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | |
| KORV_Q9TTC1-Pro | 8,050 | LLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTREKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mut | 8,051 | LLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA | 8,052 | LLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKN | |
| MLVAV_P03356 | 8,053 | TLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL | |
| MLVAV_P03356_3mut | 8,054 | TLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL | |
| MLVAV_P03356_3mutA | 8,055 | TLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL | |
| MLVBM_Q7SVK7 | 8,056 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY | |

【０３２５】

【表６－７】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7 | 8,057 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | 8,058 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | 8,059 | TLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | 8,060 | LGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPV KKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTL FNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTP RQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | 8,061 | LGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPV KKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTL FNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPVPKTP RQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVCB_P08361 | 8,062 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ AHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVCB_P08361_3mut | 8,063 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT ATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVCB_P08361_3mutA | 8,064 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |
| MLVF5_P26810 | 8,065 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAFRQAPLIISLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWKDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGLCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFKWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDVGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAAGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNHAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLL |

【０３２６】

【表６－８】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| MLVF5_P26810_3mut | 8,066 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAFRQAPLIISLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWKDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGLCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFKWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDVGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAAGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNHAEARGNRMADQAARDVATRETPETSTLL | |
| MLVF5_P26810_3mutA | 8,067 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAFRQAPLIISLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWKDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGLCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFKWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDVGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAAGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNHAEARGNRMADQAARDVATRETPETSTLL | |
| MLVFF_P26809_3mut | 8,068 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARDVATRETPETSTLL | |
| MLVFF_P26809_3mutA | 8,069 | TLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQ HDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARDVATRETPETSTLL | |
| MLVMS_P03355 | 8,070 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFA TAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL | |
| MLVMS_reference | 8,137 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSP | |
| MLVMS_P03355 | 8,071 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL | |
| MLVMS_P03355_3mut | 8,072 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL | |
| MLVMS_P03355_3mut | 8,073 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL | |
| MLVMS_P03355_3 | 8,074 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |

【０３２７】

【表６－９】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| mutA_WS | | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL |
| MLVMS_P03355_3mutA_WS | 8,075 | TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL | 8,076 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEF E |
| MLVMS_P03355_PLV919 | 8,077 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQ HNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEF E |
| MLVRD_P11227 | 8,078 | TLNIEDEYRLHEISTEPDVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQGLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPTSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFASEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRGLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLKTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPRFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYHEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTEPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATA HIHGEIYKRRGLLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MLVRD_P11227_3mut | 8,079 | TLNIEDEYRLHEISTEPDVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQGLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPTSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFASEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRGLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLKTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQPTPKT PRQLREFLGTAGFCRLWIPRFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYHEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP HDCLEILAETHGTEPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATA HIHGEIYKRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLL |
| MMTVB_P03365 | 8,080 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365 | 8,081 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365_2mut | 8,082 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365_2mut_WS | 8,083 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP |

【０３２８】

【表６－１０】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_2 mut_W S | 8,084 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_2 mutB | 8,085 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365_2 mutB | 8,086 | WVQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLNTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMK DIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAV NATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDS YIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLF EILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSK DPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQA EIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365_2 mutB_ WS | 8,087 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPPAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_2 mutB_ WS | 8,088 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPPAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_W S | 8,089 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365_W S | 8,090 | VQEISDSRPMLHIYLNGRRFLGLLDTGADKTCIAGRDWPANWPIHQTESSLQGLGMACGVARSSQPLRWQHEDKSGIIHPFVIPTLPFTLWGRDIMKDI KVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNA TMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVRDKYQDSYIV HYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTTGELKPLFEIL NGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHRSKELFSKDP DYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQNTAQQAEIV AVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILTA |
| MMTV B_P03 365-Pro | 8,091 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365-Pro | 8,092 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNGDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTV B_P03 365- | 8,093 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR |

【０３２９】

【表６－１１】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| Pro_2mut | | SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365-Pro_2mut | 8,094 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAVPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365-Pro_2mutB | 8,095 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MMTVB_P03365-Pro_2mutB | 8,096 | GRDIMKDIKVRLMTDSPDDSQDLMIGAIESNLFADQISWKSDQPVWLNQWPLKQEKLQALQQLVTEQLQLGHLEESNSPWNTPVFVIKKKSGKWRLL QDLRAVNATMHDMGALQPGLPSPVAPPKGWEIIIIDLQDCFFNIKLHPEDCKRFAFSVPSPNFKRPYQRFQWKVLPQGMKNSPTLCQKFVDKAILTVR DKYQDSYIVHYMDDILLAHPSRSIVDEILTSMIQALNKHGLVVSTEKIQKYDNLKYLGTHIQGDSVSYQKLQIRTDKLRTLNDFQKLLGNINWIRPFLKLTT GELKPLFEILNPDSNPISTRKLTPEACKALQLMNERLSTARVKRLDLSQPWSLCILKTEYTPTACLWQDGVVEWIHLPHISPKVITPYDIFCTQLIIKGRHR SKELFSKDPDYIVVPYTKVQFDLLLQEKEDWPISLLGFLGEVHFHLPKDPLLTFTLQTAIIFPHMTSTTPLEKGIVIFTDGSANGRSVTYIQGREPIIKENTQ NTAQQAEIVAVITAFEEVSQPFNLYTDSKYVTGLFPEIETATLSPRTKIYTELKHLQRLIHKRQEKFYIGHIRGHTGLPGPLAQGNAYADSLTRILT |
| MPMV_P07572 | 8,097 | LTAAIDILAPQQCAEPITWKSDEPVWVDQWPLTNDKLAAAQQLVQEQLEAGHITESSSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAIPQGYLKIIIDLKDCFFSIPLHPSDQKRFAFSLPSTNFKEPMQRFQWKVLPQGMANSPTLCQKYVATAIHKVRHAWKQMYIIHYMDDILIAGKDGQ QVLQCFDQLKQELTAAGLHIAPEKVQLQDPYTYLGFELNGPKITNQKAVIRKDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLKLTTGDLKPLFDTLKGDSDPNSHR SLSKEAALASLEKVETAIAEQFVTHINYSLPLIFLIFNTALTPTGLFWQDNPIMWIHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDHSKKYFGIEPSTIIQPYSKSQIDW LMQNTEMWPIACASFVGILDNHYPPNKLIQFCKLHTFVFPQIISKTPLNNALLVFTDGSSTGMAAYTLTDTTIKFQTNLNSAQLVELQALIAVLSAFPNQPL NIYTDSAYLAHSIPLLETVAQIKHISETAKLFLQCQQLIYNRSIPFYIGHVRAHSGLPGPIAQGNQRADLATKIVASNINT |
| MPMV_P07572_2mutB | 8,098 | LTAAIDILAPQQCAEPITWKSDEPVWVDQWPLTNDKLAAAQQLVQEQLEAGHITESSSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAPPQGYLKIIIDLKDCFFSIPLHPSDQKRFAFSLPSTNFKEPMQRFQWKVLPQGMANSPTLCQKYVATAIHKVRHAWKQMYIIHYMDDILIAGKDGQ QVLQCFDQLKQELTAAGLHIAPEKVQLQDPYTYLGFELNGPKITNQKAVIRKDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLKLTTGDLKPLFDTLKPDSDPNSHRS LSKEAALASLEKVETAIAEQFVTHINYSLPLIFLIFNTALTPTGLFWQDNPIMWIHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDHSKKYFGIEPSTIIQPYSKSQIDWL MQNTEMWPIACASFVGILDNHYPPNKLIQFCKLHTFVFPQIISKTPLNNALLVFTDGSSTGMAAYTLTDTTIKFQTNLNSAQLVELQALIAVLSAFPNQPL NIYTDSAYLAHSIPLLETVAQIKHISETAKLFLQCQQLIYNRSIPFYIGHVRAHSGLPGPIAQGNQRADLATKIVASNINT |
| PERV_Q4VFZ2 | 8,099 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2 | 8,100 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | 8,101 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | 8,102 | TLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLL PVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNS PTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT TAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTH DCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH VHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLL |
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | 8,103 | LDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVR KPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIF NEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAK QVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQ LLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI YKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLP |

【０３３０】

【表６－１２】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | 8,104 | LDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVR KPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIF NEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAK QVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQ LLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI YKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLP |
| SFV1_P23074 | 8,105 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQL TVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNT PVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTAD VVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFAR NFIPNYSELVKPLYTIVANANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLL TTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIK HPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKW KSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH |
| SFV1_P23074_2mut | 8,106 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQL TVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNT PVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNAD VVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGLLNFAR NFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLT TMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKH PDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWK SIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH |
| SFV1_P23074_2mutA | 8,107 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPEAFLEDERPIQTMLIKTIHGEKQQDVYYLTFKVQGRKVEAEVLASPYDYILLNPSDVPWLMKKPLQL TVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLIQQNSTMNT PVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNAD VVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQLQSILGKLNFAR NFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKAEAKFTQTEKLLT TMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFAMVFYTDGSAIKH PDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNKKKPLRHVSKWK SIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH |
| SFV1_P23074-Pro | 8,108 | VPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQ GVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFTADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLKQ LQSILGLLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVANANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSKA EAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEFA MVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNNK KKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH |
| SFV1_P23074-Pro_2mut | 8,109 | VPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQ GVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLK QLQSILGLLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSK AEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEF AMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNN KKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH |
| SFV1_P23074-Pro_2mutA | 8,110 | VPWLMKKPLQLTVLVPLHEYQERLLQQTALPKEQKELLQKLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHNIATGTLAPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQ GVLIQQNSTMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIYRGKYKTTLDLTNGFWAHPITPESYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEIPNVQAYVDDIYISHDDPQEHLEQLEKIFSILLNAGYVVSLKKSEIAQREVEFLGFNITKEGRGLTDTFKQKLLNITPPKDLK QLQSILGKLNFARNFIPNYSELVKPLYTIVAPANGKFISWTEDNSNQLQHIISVLNQADNLEERNPETRLIIKVNSSPSAGYIRYYNEGSKRPIMYVNYIFSK AEAKFTQTEKLLTTMHKGLIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQRTPLPERKALPVRWITWMTYLEDPRIQFHYDKSLPELQQIPNVTEDVIAKTKHPSEF AMVFYTDGSAIKHPDVNKSHSAGMGIAQVQFIPEYKIVHQWSIPLGDHTAQLAEIAAVEFACKKALKISGPVLIVTDSFYVAESANKELPYWKSNGFLNN KKKPLRHVSKWKSIAECLQLKPDIIIMHEKGHQQPMTTLHTEGNNLADKLATQGSYVVH |
| SFV3L_P27401 | 8,111 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTT LVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTP VYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFTADV VDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGLLNFAR NFIPNFSELVKPLYNIIATANGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLL TTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHP NVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWK SIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401_2mut | 8,112 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTT LVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTP VYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV VDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGLLNFAR NFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLL TTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHP |

【０３３１】

【表６－１３】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | NVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWK SIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401_2mutA | 8,113 | MDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVISSPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTT LVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTP VYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADV VDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFA RNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKL LTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKH PNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKW KSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401-Pro | 8,114 | IPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQ GVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQ GFLNSPALFTADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATANGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVY TKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEF SMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFN NKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401-Pro_2mut | 8,115 | IPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQ GVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVY TKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEF SMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFN NKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFV3L_P27401-Pro_2mutA | 8,116 | IPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQ GVLIQQNSIMNTPVYPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDL KQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVY TKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEF SMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFN NKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040 | 8,117 | MNPLQLLQPLPAEVKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKQTLIKTIHGEKQQNVYYLTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTI LVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTP VYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFTAD AVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDLKQLQSILGLLNF ARNFIPNFAELVQTLYNLIASSKGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLE KLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPSQYEGVFCTDGSA IKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKEPLKHISK WKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040_2mut | 8,118 | MNPLQLLQPLPAEVKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKQTLIKTIHGEKQQNVYYLTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTI LVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTP VYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNAD AVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDLKQLQSILGLLNF ARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLE KLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPSQYEGVFCTDGSA IKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKEPLKHISK WKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040_2mutA | 8,119 | MNPLQLLQPLPAEVKGTKLLAHWNSGATITCIPESFLEDEQPIKQTLIKTIHGEKQQNVYYLTFKVKGRKVEAEVIASPYEYILLSPTDVPWLTQQPLQLTI LVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQGVLTPQNSTMNTP VYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQGFLNSPALFNAD AVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDLKQLQSILGKLNF ARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYVFSKAELKFSMLE KLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPSQYEGVFCTDGSA IKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGFVNNKKEPLKHISK WKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040-Pro | 8,120 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFTADAVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQTLYNLIASSKGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPS QYEGVFCTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKEPLKHISKWKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mut | 8,121 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADAVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDL KQLQSILGLLNFARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPS |

【０３３２】

【表６－１４】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| | | QYEGVFCTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKEPLKHISKWKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mutA | 8,122 | VPWLTQQPLQLTILVPLQEYQDRILNKTALPEEQKQQLKALFTKYDNLWQHWENQVGHRKIRPHNIATGDYPPRPQKQYPINPKAKPSIQIVIDDLLKQG VLTPQNSTMNTPVYPVPKPDGRWRMVLDYREVNKTIPLTAAQNQHSAGILATIVRQKYKTTLDLANGFWAHPITPDSYWLTAFTWQGKQYCWTRLPQ GFLNSPALFNADAVDLLKEVPNVQVYVDDIYLSHDNPHEHIQQLEKVFQILLQAGYVVSLKKSEIGQRTVEFLGFNITKEGRGLTDTFKTKLLNVTPPKDL KQLQSILGKLNFARNFIPNFAELVQTLYNLIASSPGKYIEWTEDNTKQLNKVIEALNTASNLEERLPDQRLVIKVNTSPSAGYVRYYNESGKKPIMYLNYV FSKAELKFSMLEKLLTTMHKALIKAMDLAMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMTYLEDPRIQFHYDKTLPELKHIPDVYTSSIPPLKHPS QYEGVFCTDGSAIKSPDPTKSNNAGMGIVHAIYNPEYKILNQWSIPLGHHTAQMAEIAAVEFACKKALKVPGPVLVITDSFYVAESANKELPYWKSNGF VNNKKEPLKHISKWKSIAECLSIKPDITIQHEKGHQPINTSIHTEGNALADKLATQGSYVVN |
| SMRVH_P03364 | 8,123 | PRSRAIDIPVPHADKISWKITDPVWVDQWPLTYEKTLAAIALVQEQLAAGHIEPTNSPWNTPIFIIKKKSGSWRLLQDLRAVNKVMVPMGALQPGLPSPV AIPLNYHKIVIDLKDCFFTIPLHPEDRPYFAFSVPQINFQSPMPRYQWKVLPQGMANSPTLCQKFVAAAIAPVRSQWPEAYILHYMDDILLACDSAEAAK ACYAHIISCLTSYGLKIAPDKVQVSEPFSYLGFELHHQQVFTPRVCLKTDHLKTLNDFQKLLGDIQWLRPYLKLPTSALVPLNNILKGDPNPLSVRALTPE AKQSLALINKAIQNQSVQQISYNLPLVLLLLPTPHTPTAVFWQPNGTDPTKNGSPLLWLHLPASPSKVLLTYPSLLAMLIIKGRYTGRQLFGRDPHSIIPY TQDQLTWLLQTSDEWAIALSSFTGDIDNHYPSDPVIQFAKLHQFIFPKITKCAPIPQATLVFTDGSSNGIAAYVIDNQPISIKSPYLSAQLVELYAILQVFTV LAHQPFNLYTDSAYIAQSVPLLETVPFIKSSTNATPLFSKLQQLILNRQHPFFIGHLRAHLNLPGPLAEGNALADAATQIFPIISD |
| SMRVH_P03364_2mut | 8,124 | PRSRAIDIPVPHADKISWKITDPVWVDQWPLTYEKTLAAIALVQEQLAAGHIEPTNSPWNTPIFIIKKKSGSWRLLQDLRAVNKVMVPMGALQPGLPSPV AIPLNYHKIVIDLKDCFFTIPLHPEDRPYFAFSVPQINFQSPMPRYQWKVLPQGMANSPTLCQKFVAAAIAPVRSQWPEAYILHYMDDILLACDSAEAAK ACYAHIISCLTSYGLKIAPDKVQVSEPFSYLGFELHHQQVFTPRVCLKTDHLKTLNDFQKLLGDIQWLRPYLKLPTSALVPLNNILKGDPNPLSVRALTPE AKQSLALINKAIQNQSVQQISYNLPLVLLLLPTPHTPTAVFWQPNGTDPTKNGSPLLWLHLPASPSKVLLTYPSLLAMLIIKGRYTGRQLFGRDPHSIIPY TQDQLTWLLQTSDEWAIALSSFTGDIDNHYPSDPVIQFAKLHQFIFPKITKCAPIPQATLVFTDGSSNGIAAYVIDNQPISIKSPYLSAQLVELYAILQVFTV LAHQPFNLYTDSAYIAQSVPLLETVPFIKSSTNATPLFSKLQQLILNRQHPFFIGHLRAHLNLPGPLAEGNALADAATQIFPIISD |
| SMRVH_P03364_2mutB | 8,125 | PRSRAIDIPVPHADKISWKITDPVWVDQWPLTYEKTLAAIALVQEQLAAGHIEPTNSPWNTPIFIIKKKSGSWRLLQDLRAVNKVMVPMGALQPGLPSPV APPLNYHKIVIDLKDCFFTIPLHPEDRPYFAFSVPQINFQSPMPRYQWKVLPQGMANSPTLCQKFVAAAIAPVRSQWPEAYILHYMDDILLACDSAEAAK ACYAHIISCLTSYGLKIAPDKVQVSEPFSYLGFELHHQQVFTPRVCLKTDHLKTLNDFQKLLGDIQWLRPYLKLPTSALVPLNNILKGDPNPLSVRALTPE AKQSLALINKAIQNQSVQQISYNLPLVLLLLPTPHTPTAVFWQPNGTDPTKNGSPLLWLHLPASPSKVLLTYPSLLAMLIIKGRYTGRQLFGRDPHSIIPY TQDQLTWLLQTSDEWAIALSSFTGDIDNHYPSDPVIQFAKLHQFIFPKITKCAPIPQATLVFTDGSSNGIAAYVIDNQPISIKSPYLSAQLVELYAILQVFTV LAHQPFNLYTDSAYIAQSVPLLETVPFIKSSTNATPLFSKLQQLILNRQHPFFIGHLRAHLNLPGPLAEGNALADAATQIFPIISD |
| SRV2_P51517 | 8,126 | LATAVDILAPQRYADPITWKSDEPVWVDQWPLTQEKLAAAQQLVQEQLQAGHIIESNSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAIPQGYFKIVIDLKDCFFTIPLQPVDQKRFAFSLPSTNFKQPMKRYQWKVLPQGMANSPTLCQKYVAAAIEPVRKSWAQMYIIHYMDDILIAGKLGE QVLQCFAQLKQALTTTGLQIAPEKVQLQDPYTYLGFQINGPKITNQKAVIRRDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLHLTTGDLKPLFDILKGDSNPNSPRS LSEAALASLQKVETAIAEQFVTQIDYTQPLTFLIFNTTLTPTGLFWQNNPVMWVHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDNSKKYFGLEPSTIIQPYSKSQIH WLMQNTETWPIACASYAGNIDNHYPPNKLIQFCKLHAVVFPRIISKTPLDNALLVFTDGSSTGIAAYTFEKTTVRFKTSHTSAQLVELQALIAVLSAFPHR ALNVYTDSAYLAHSIPLLETVSHIKHISDTAKFFLQCQQLIYNRSIPFYLGHIRAHSGLPGPLSQGNHITDLATKVVATTLTT |
| SRV2_P51517_2mutB | 8,127 | LATAVDILAPQRYADPITWKSDEPVWVDQWPLTQEKLAAAQQLVQEQLQAGHIIESNSPWNTPIFVIKKKSGKWRLLQDLRAVNATMVLMGALQPGLP SPVAPPQGYFKIVIDLKDCFFTIPLQPVDQKRFAFSLPSTNFKQPMKRYQWKVLPQGMANSPTLCQKYVAAAIEPVRKSWAQMYIIHYMDDILIAGKLGE QVLQCFAQLKQALTTTGLQIAPEKVQLQDPYTYLGFQINGPKITNQKAVIRRDKLQTLNDFQKLLGDINWLRPYLHLTTGDLKPLFDILKGDSNPNSPRS LSEAALASLQKVETAIAEQFVTQIDYTQPLTFLIFNTTLTPTGLFWQNNPVMWVHLPASPKKVLLPYYDAIADLIILGRDNSKKYFGLEPSTIIQPYSKSQIH WLMQNTETWPIACASYAGNIDNHYPPNKLIQFCKLHAVVFPRIISKTPLDNALLVFTDGSSTGIAAYTFEKTTVRFKTSHTSAQLVELQALIAVLSAFPHR ALNVYTDSAYLAHSIPLLETVSHIKHISDTAKFFLQCQQLIYNRSIPFYLGHIRAHSGLPGPLSQGNHITDLATKVVATTLTT |
| WDSV_O92815 | 8,128 | SCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHD LRAINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFSQALYQSLHKIKFKISSEICIYMD DVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIRQIRAFLGLVGYCRHWIPEFSIHSKFL EKQLKKDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQA DSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSD GSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQ IMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQR |
| WDSV_O92815_2mut | 8,129 | SCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHD LRAINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIKFKISSEICIYMD DVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIRQIRAFLGLVGYCRHWIPEFSIHSKFL EKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQA DSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSD GSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQ IMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQR |
| WDSV_O92815_2mutA | 8,130 | SCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHD LRAINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIKFKISSEICIYMD DVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIRQIRAFLGKVGYCRHFIPEFSIHSKFL EKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQA DSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSD GSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQ IMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQR |
| WMSV_P03359 | 8,131 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFDEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKESIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHI HGAIYKQRGLLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKP |

【０３３３】

【表６－１５】

| RT名 | 配列番号 | RTアミノ酸配列 |
|---|---|---|
| WMSV_P03359_3mut | 8,132 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPP TTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAY LSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVH RCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHI HGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKP | |
| WMSV_P03359_3mutA | 8,133 | VLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLL PVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSP TLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPP TTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVASGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL | |
| XMRV6_A1Z651 | 8,134 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPK TPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL | |
| XMRV6_A1Z651_3mut | 8,135 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPK TPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPV AYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKE APHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAF ATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL | |
| XMRV6_A1Z651_3mutA | 8,136 | TLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPT LFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPK TPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFAT AHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLL | |

【０３３４】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、部位特異的突然変異によって修飾される。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、改善された特性を有するように改変され、例えば、ＭＭＬＶ　ＲＴ由来のＳｕｐｅｒＳｃｒｉｐｔ　ＩＶ（ＳＳＩＶ）逆転写酵素が挙げられる。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、参照により本明細書に組み込まれる、国際公開第２００１０６８８９５号パンフレットに記載のように、より低いエラー率を有するように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、熱安定性が高まるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、加工性が高まるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、阻害剤に対する耐性を有するように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、より高速であるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、ＲＮＡ鋳型における修飾ヌクレオチドに対する耐性が高まるように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、修飾ＤＮＡヌクレオチドを挿入するように改変され得る。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、鋳型ＲＮＡに結合するように改変される。一部の実施形態では、１つ又は複数の突然変異は、マウス白血病ウイルス逆転写酵素のＲＴドメイン内のＤ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｗ３１３Ｆ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｌ６７１Ｐ、Ｅ６９Ｋ、Ｈ８Ｙ、Ｔ３０６Ｋ若しくはＤ６５３Ｎ、又は別のＲＴドメインの対応する位置での対応する突然変異から選択される。

【０３３５】

一部の実施形態では、ＲＴドメイン（例えば、表６に列挙される）は、以下の表２に列挙される１つ又は複数の突然変異を含む。一部の実施形態では、表６に列挙されるＲＴドメインは、以下の表２の対応する行に列挙される突然変異の１、２、３、４、５、又は６つを含む。

【０３３６】

【表２－１】

表2. 例示的なRTドメイン突然変異 (表6の対応する行に列記される対応する野生型配列と比べた)

| RTドメイン名 | 突然変異 | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| AVIRE_P03360 | | | | | | |
| AVIRE_P03360_3mut | D200N | G330P | L605W | | | |
| AVIRE_P03360_3mutA | D200N | G330P | L605W | T306K | W313F | |
| BAEVM_P10272 | | | | | | |
| BAEVM_P10272_3mut | D198N | E328P | L602W | | | |
| BAEVM_P10272_3mutA | D198N | E328P | L602W | T304K | W311F | |
| BLVAU_P25059 | | | | | | |
| BLVAU_P25059_2mut | E159Q | G286P | | | | |
| BLVJ_P03361 | | | | | | |
| BLVJ_P03361_2mut | E159Q | L524W | | | | |
| BLVJ_P03361_2mutB | E159Q | L524W | I97P | | | |
| FFV_O93209 | D21N | | | | | |
| FFV_O93209_2mut | D21N | T293N | T419P | | | |
| FFV_O93209_2mutA | D21N | T293N | T419P | L393K | | |
| FFV_O93209-Pro | | | | | | |
| FFV_O93209-Pro_2mut | T207N | T333P | | | | |
| FFV_O93209-Pro_2mutA | T207N | T333P | L307K | | | |
| FLV_P10273 | | | | | | |
| FLV_P10273_3mut | D199N | L602W | | | | |
| FLV_P10273_3mutA | D199N | L602W | T305K | W312F | | |
| FOAMV_P14350 | D24N | | | | | |
| FOAMV_P14350_2mut | D24N | T296N | S420P | | | |
| FOAMV_P14350_2mutA | D24N | T296N | S420P | L396K | | |
| FOAMV_P14350-Pro | | | | | | |
| FOAMV_P14350-Pro_2mut | T207N | S331P | | | | |
| FOAMV_P14350-Pro_2mutA | T207N | S331P | L307K | | | |
| GALV_P21414 | | | | | | |
| GALV_P21414_3mut | D198N | E328P | L600W | | | |
| GALV_P21414_3mutA | D198N | E328P | L600W | T304K | W311F | |

【０３３７】

【表２－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| HTL1A_P03362 | | | | | | |
| HTL1A_P03362_2mut | E152Q | R279P | | | | |
| HTL1A_P03362_2mutB | E152Q | R279P | L90P | | | |
| HTL1C_P14078 | | | | | | |
| HTL1C_P14078_2mut | E152Q | R279P | | | | |
| HTL1L_P0C211 | | | | | | |
| HTL1L_P0C211_2mut | E149Q | L527W | | | | |
| HTL1L_P0C211_2mutB | E149Q | L527W | L87P | | | |
| HTL32_Q0R5R2 | | | | | | |
| HTL32_Q0R5R2_2mut | E149Q | L526W | | | | |
| HTL32_Q0R5R2_2mutB | E149Q | L526W | L87P | | | |
| HTL3P_Q4U0X6 | | | | | | |
| HTL3P_Q4U0X6_2mut | E149Q | L526W | | | | |
| HTL3P_Q4U0X6_2mutB | E149Q | L526W | L87P | | | |
| HTLV2_P03363_2mut | E147Q | G274P | | | | |
| JSRV_P31623 | | | | | | |
| JSRV_P31623_2mutB | A100P | | | | | |
| KORV_Q9TTC1 | D32N | | | | | |
| KORV_Q9TTC1_3mut | D32N | D322N | E452P | L724W | | |
| KORV_Q9TTC1_3mutA | D32N | D322N | E452P | L724W | T428K | W435F |
| KORV_Q9TTC1-Pro | | | | | | |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mut | D231N | E361P | L633W | | | |
| KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA | D231N | E361P | L633W | T337K | W344F | |
| MLVAV_P03356 | | | | | | |
| MLVAV_P03356_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVAV_P03356_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVBM_Q7SVK7 | | | | | | |
| MLVBM_Q7SVK7 | | | | | | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | D199N | T329P | L602W | T305K | W312F | |
| MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS | D199N | T329P | L602W | T305K | W312F | |
| MLVCB_P08361 | | | | | | |
| MLVCB_P08361_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVCB_P08361_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVF5_P26810 | | | | | | |
| MLVF5_P26810_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVF5_P26810_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVFF_P26809_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |

【０３３８】

【表２－３】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| MLVFF_P26809_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVMS_P03355 | | | | | | |
| MLVMS_P03355 | | | | | | |
| MLVMS_P03355_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVMS_P03355_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MLVMS_P03355_3mutA_WS | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVMS_P03355_3mutA_WS | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |
| MLVMS_P03355_PLV919 | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | H8Y |
| MLVMS_P03355_PLV919 | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | H8Y |
| MLVRD_P11227 | | | | | | |
| MLVRD_P11227_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| MMTVB_P03365 | D26N | | | | | |
| MMTVB_P03365 | D26N | | | | | |
| MMTVB_P03365_2mut | D26N | G401P | | | | |
| MMTVB_P03365_2mut_WS | G400P | | | | | |
| MMTVB_P03365_2mut_WS | G400P | | | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB | D26N | G401P | V215P | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB | D26N | G401P | V215P | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB_WS | G400P | V212P | | | | |
| MMTVB_P03365_2mutB_WS | G400P | V212P | | | | |
| MMTVB_P03365_WS | | | | | | |
| MMTVB_P03365_WS | | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro | | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro | | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mut | G309P | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mut | G309P | | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mutB | G309P | V123P | | | | |
| MMTVB_P03365-Pro_2mutB | G309P | V123P | | | | |
| MPMV_P07572 | | | | | | |
| MPMV_P07572_2mutB | G289P | I103P | | | | |
| PERV_Q4VFZ2 | | | | | | |
| PERV_Q4VFZ2 | | | | | | |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | D199N | E329P | L602W | | | |
| PERV_Q4VFZ2_3mut | D199N | E329P | L602W | | | |
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | D196N | E326P | L599W | T302K | W309F | |
| PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS | D196N | E326P | L599W | T302K | W309F | |
| SFV1_P23074 | D24N | | | | | |
| SFV1_P23074_2mut | D24N | T296N | N420P | | | |
| SFV1_P23074_2mutA | D24N | T296N | N420P | L396K | | |

【０３３９】

【表２－４】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| SFV1_P23074-Pro | | | | | | |
| SFV1_P23074-Pro_2mut | T207N | N331P | | | | |
| SFV1_P23074-Pro_2mutA | T207N | N331P | L307K | | | |
| SFV3L_P27401 | D24N | | | | | |
| SFV3L_P27401_2mut | D24N | T296N | N422P | | | |
| SFV3L_P27401_2mutA | D24N | T296N | N422P | L396K | | |
| SFV3L_P27401-Pro | | | | | | |
| SFV3L_P27401-Pro_2mut | T307N | N333P | | | | |
| SFV3L_P27401-Pro_2mutA | T307N | N333P | L307K | | | |
| SFVCP_Q87040 | D24N | | | | | |
| SFVCP_Q87040_2mut | D24N | T296N | K422P | | | |
| SFVCP_Q87040_2mutA | D24N | T296N | K422P | L396K | | |
| SFVCP_Q87040-Pro | | | | | | |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mut | T207N | K333P | | | | |
| SFVCP_Q87040-Pro_2mutA | T207N | K333P | L307K | | | |
| SMRVH_P03364 | | | | | | |
| SMRVH_P03364_2mut | G288P | | | | | |
| SMRVH_P03364_2mutB | G288P | I102P | | | | |
| SRV2_P51517 | | | | | | |
| SRV2_P51517_2mutB | I103P | | | | | |
| WDSV_O92815 | | | | | | |
| WDSV_O92815_2mut | S183N | K312P | | | | |
| WDSV_O92815_2mutA | S183N | K312P | L288K | W295F | | |
| WMSV_P03359 | | | | | | |
| WMSV_P03359_3mut | D198N | E328P | L600W | | | |
| WMSV_P03359_3mutA | D198N | E328P | L600W | T304K | W311F | |
| XMRV6_A1Z651 | | | | | | |
| XMRV6_A1Z651_3mut | D200N | T330P | L603W | | | |
| XMRV6_A1Z651_3mutA | D200N | T330P | L603W | T306K | W313F | |

【０３４０】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、レトロウイルス逆転写酵素からのＲＴドメイン、例として、例えば、以下の配列を含む野生型Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴを含む。

Ｍ－ＭＬＶ（ＷＴ）：

【化１】

TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVP
NPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKN
SPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKA
QICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAA
PLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLG
PWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPD
RWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP
LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGK
KLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGH
SAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLI ( 配列番号 : 5002)

【０３４１】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、レトロウイルス逆転写酵素からのＲＴドメイン、例として、例えば、以下の配列を含むＭ－ＭＬＶ　ＲＴを含む。

【化２】

TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVP
NPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKN
SPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKA
QICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAA
PLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLG
PWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPD
RWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP
LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGK
KLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGH
SAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLL ( 配列番号 : 5003)

【０３４２】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸６５９～１３２９の配列を含むレトロウイルス逆転写酵素からのＲＴドメインを含む。複数の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、以下に示される、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸６５９～１３２９の配列のＮ末端に、１つの更なるアミノ酸を更に含む。

【化３】

TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLP**VKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPT**
**VPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLP**
**QGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNL**
**GYRASAKKAQICQKQVKYLGY**LLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRL
WIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGY
AKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPH
AVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE
AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELI
ALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKR
LSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAA ( 配列番号 : 5004)

コアＲＴ（太字）、上記の注釈
ＲＮＡｓｅＨ（下線部）、上記の注釈

【０３４３】

実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸６５９～１３２９の配列のＣ末端に、１つの更なるアミノ酸を更に含む。複数の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＲＮａｓｅＨ１ドメイン（例えば、ＮＰ＿０５７９３３のアミノ酸１１７８～１３１８）を含む。

【０３４４】

一部の実施形態では、レトロウイルス逆転写酵素ドメイン、例えば、Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴは、ＲＴの特徴、例えば、熱安定性、処理能力、及び／又は鋳型結合を改善し得る、野生型配列からの１つ又は複数の突然変異を含み得る。一部の実施形態では、Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴドメインは、上のＭ－ＭＬＶ（ＷＴ）配列に対して、例えば、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｔ３０６Ｋ、Ｗ３１３Ｆ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｄ６５３Ｎ、Ｒ１１０Ｓ、Ｋ１０３Ｌから選択される１つ又は複数の突然変異、例えば、任意選択でＴ３０６Ｋ及びＷ３１３Ｆを更に含む、Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、及びＴ３３０Ｐなどの突然変異の組合せを含む。一部の実施形態では、本明細書で用いられるＭ－ＭＬＶ　ＲＴは、突然変異Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｔ３０６Ｋ及びＷ３１３Ｆを含む。複数の実施形態では、突然変異体Ｍ－ＭＬＶ　ＲＴは、以下のアミノ酸配列を含む。

Ｍ－ＭＬＶ（ＰＥ２）：

【化４】

TLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP
MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVP
NPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKN
SPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKA
QICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAP
LYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGP
WRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDR
WLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL
PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKK
LNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHS
AEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLI ( 配列番号 : 5005)

【０３４５】

一部の実施形態では、ライティングドメイン（例えば、ＲＴドメイン）は、例えば、ＲＮＡ配列に特異的に結合するＲＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、ライティングドメインのＲＮＡ結合ドメインによって特異的に結合されるＲＮＡ配列を含む。

【０３４６】

一部の実施形態では、逆転写ドメインは、単に、システムの特定の鋳型、例えば、鋳型ＲＮＡを認識し、逆転写する。一部の実施形態では、鋳型は、逆転写ドメインによって認識及び逆転写を可能にする配列又は構造を含む。一部の実施形態では、鋳型は、本明細書に記載されるゲノム改変システムのポリペプチド成分のＲＮＡ結合ドメインとの会合を可能にする配列又は構造を含む。一部の実施形態では、ゲノム改変システムは、会合配列を欠く鋳型より、会合配列を含む鋳型を好ましくは逆転写する。

【０３４７】

ライティングドメインは、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性も含み得、例えば、ＤＮＡを鋳型ＤＮＡ配列からのゲノムにライティングする能力がある酵素活性を含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合が、標的部位編集の第２の鎖合成を完了するのに用いられる。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ポリペプチド中のＤＮＡポリメラーゼドメインによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合、例えば、第２の鎖合成も可能である逆転写酵素ドメインによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、システムの第２のポリペプチドによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、任意選択で、ゲノム改変システムの成分により、標的部位に動員される内因性宿主細胞ポリメラーゼによって提供される。

【０３４８】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、インビトロで、参照逆転写酵素ドメインと比較してより低い確率で不十分な終結率（Ｐｏｆｆ）を有する。一部の実施形態では、参照逆転写酵素ドメインは、ウイルス逆転写酵素ドメイン、例えば、Ｍ－ＭＬＶからのＲＴドメインである。

【０３４９】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、１０９４ｎｔのＲＮＡでの測定によると、インビトロで、約５×１０$^{-3}$／ｎｔ、５×１０$^{-4}$／ｎｔ、又は５×１０$^{-6}$／ｎｔ未満の、より低い確率での不十分な終結率（Ｐｏｆｆ）を有する。複数の実施形態では、インビトロでの不十分な終結率は、Ｂｉｂｉｌｌｏ ａｎｄ Ｅｉｃｋｂｕｓｈ（２００２）Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ ２７７（３８）：３４８３６－３４８４５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように決定される。

【０３５０】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、細胞における組み込みの少なくとも約３

０％又は５０％を完了することができる。完全な組み込みのパーセントは、実質的に完全長の組み込み事象（例えば、予想された組み込み配列の少なくとも９８％を含むゲノム部位）の数をｂｙ細胞集団内の（実質的に完全長及び部分を含む）全体の組み込み事象の数で除することによって測定され得る。複数の実施形態では、細胞における組み込みは、例えば、Ｋａｒｓｔ ｅｔ ａｌ．（２０２０）ｂｉｏＲｘｉｖ ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ロングリードアンプリコン配列決定を用いて（例えば、組み込み部位を通じて）決定される。

【０３５１】

複数の実施形態では、細胞における組み込みの定量化は、鋳型ＲＮＡ（例えば、少なくとも０．０５、０．１、０．５、０．６、０．７、０．８、０．９、１、１．５、２、３、４若しくは５ｋｂの長さ、例えば、０．５～０．６、０．６～０．７、０．７～０．８、０．８～０．９、１．０～１．２、１．２～１．４、１．４～１．６、１．６～１．８、１．８～２．０、２～３、３～４若しくは４～５ｋｂの長さを有する鋳型ＲＮＡ）に対応するＤＮＡ配列の少なくとも約７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％を含む組み込みの割合を計数することを含む。

【０３５２】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、インビトロでｄＮＴＰを重合可能である。複数の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、０．１～５０ｎｔ／秒（例えば、０．１～１、１～１０若しくは１０～５０ｎｔ／秒）の速度で、インビトロでｄＮＴＰを重合可能である。複数の実施形態では、逆転写酵素ドメインによるｄＮＴＰの重合は、例えば、Ｓｃｈｗａｒｔｚ ａｎｄ Ｑｕａｋｅ（２００９）ＰＮＡＳ １０６（４８）：２０２９４－２０２９９（その全体が参照により組み込まれる）に記載のように、単一分子アッセイによって測定される。

【０３５３】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、Ｙａｓｕｋａｗａ ｅｔ ａｌ．（２０１７）Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｂｉｏｐｈｙｓ Ｒｅｓ Ｃｏｍｍｕｎ ４９２（２）：１４７－１５３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、$1\times10^{-3}$～$1\times10^{-4}$又は$1\times10^{-4}$～$1\times10^{-5}$個の置換／ｎｔのインビトロエラー率（例えば、ヌクレオチドの誤取り込み）を有する。一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、Ｋａｒｓｔ ｅｔ ａｌ．（２０２０）ｂｉｏＲｘｉｖ ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、ロングリードアンプリコン配列決定により、細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）内で$1\times10^{-3}$～$1\times10^{-4}$又は$1\times10^{-4}$～$1\times10^{-5}$個の置換／ｎｔのエラー率（例えば、ヌクレオチドの誤取り込み）を有する。

【０３５４】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、インビトロで標的ＲＮＡの逆転写を実施することが可能である。一部の実施形態では、逆転写酵素は、鋳型の逆転写を開始するため、少なくとも３ヌクレオチドのプライマーを必要とする。一部の実施形態では、標的ＲＮＡの逆転写は、例えば、Ｂｉｂｉｌｌｏ ａｎｄ Ｅｉｃｋｂｕｓｈ（２００２）Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ ２７７（３８）：３４８３６－３４８４５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、（例として、例えば、３’末端に少なくとも３、４、５、６、７、８、９若しくは１０ｎｔを有する標的にアニールする、ｓｓＤＮＡプライマーが提供されるとき）標的ＲＮＡからのｃＤＮＡの検出によって判定される。

【０３５５】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、そのＲＮＡ鋳型をｃＤＮＡに変換する場合、逆転写を、例えば、タンパク質結合モチーフ（例えば、３’ＵＴＲ）が欠如したＲＮＡ鋳型と比較して、（例えば、ｃＤＮＡ生成により）少なくとも５倍又は１０倍より効率的に実施する。複数の実施形態では、逆転写の効率は、Ｙａｓｕｋａｗａ ｅｔ ａｌ．（２０１７）Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｂｉｏｐｈｙｓ Ｒｅｓ Ｃｏｍｍｕｎ ４９２（

２）：１４７－１５３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように測定される。

【０３５６】

一部の実施形態では、逆転写酵素ドメインは、例えば、細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）内で発現されるとき、任意の内因性細胞ＲＮＡより高い頻度（例えば、約５倍又は１０倍高い頻度）で、特定のＲＮＡ鋳型に特異的に結合する。複数の実施形態では、逆転写酵素ドメインと鋳型ＲＮＡとの間の特異的結合の頻度は、例えば、Ｌｉｎ ａｎｄ Ｍｉｌｅｓ（２０１９）Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４７（１１）：５４９０－５５０１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＣＬＩＰ－ｓｅｑによって測定される。

【０３５７】

鋳型核酸結合ドメイン

遺伝子組換えポリペプチドは、典型的に、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）と会合することが可能な領域を有する。一部の実施形態では、鋳型核酸結合ドメインは、ＲＮＡ結合ドメインである。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、特定のシグネチャー、例えば構造モチーフを含むＲＮＡ分子と会合し得るモジュラードメインである。他の実施形態では、鋳型核酸結合ドメイン（例えば、ＲＮＡ結合ドメイン）は、逆転写ドメイン内に含まれ、例えば、逆転写酵素由来の成分は、ＲＮＡの優先性についての既知のシグネチャーを有する。

【０３５８】

他の実施形態では、鋳型核酸結合ドメイン（例えば、ＲＮＡ結合ドメイン）は、標的ＤＮＡ結合ドメイン内に含まれる。例えば、一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の構造を認識するＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質である。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメインが標的ゲノムＤＮＡ配列に結合することを可能にする、ｇＲＮＡスカフォールドと会合するＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質を含むＤＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスカフォールド及びｇＲＮＡスペーサーは、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）内部に含まれることで、ＤＮＡ結合ドメインは、鋳型核酸結合ドメインでもある。一部の実施形態では、ポリペプチドは、複数のドメイン内にＲＮＡ結合機能を有し、例えば、ＣＲＩＳＰＲ関連ＤＮＡ結合ドメイン内のｇＲＮＡ構造及び逆転写酵素ドメイン内の追加の配列又は構造に結合し得る。

【０３５９】

一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、標準ＲＮＡ結合ドメインよりも高い親和性で、鋳型ＲＮＡに結合することができる。一部の実施形態では、標準ＲＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）のＣａｓ９由来のＲＮＡ結合ドメインである。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、１００ｐＭ～１０ｎＭ（例えば、１００ｐＭ～１ｎＭ又は１ｎＭ～１０ｎＭ）の親和性で、鋳型ＲＮＡに結合することができる。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインの、その鋳型ＲＮＡに対する親和性は、例えば、Ａｓｍａｒｉ ｅｔ ａｌ．Ｍｅｔｈｏｄｓ １４６：１０７－１１９（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、熱泳動によりインビトロで測定される。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインの、その鋳型ＲＮＡに対する親和性は、細胞中で（例えば、ＦＲＥＴ又はＣＬＩＰ－Ｓｅｑにより）測定される。

【０３６０】

一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインは、鋳型ＲＮＡと、インビトロでスクランブルＲＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインと鋳型ＲＮＡ又はスクランブルＲＮＡとの間の会合の頻度は、例えば、Ｌｉｎ ａｎｄ Ｍｉｌｅｓ（２０１９）Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４７（１１）：５４９０－５５０１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＣＬＩＰ－ｓｅｑによって測定される。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメ

インは、細胞内（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内）の鋳型ＲＮＡと、スクランブルＲＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、ＲＮＡ結合ドメインと鋳型ＲＮＡ又はスクランブルＲＮＡとの間の会合の頻度は、例えば、Ｌｉｎａｎｄ　Ｍｉｌｅｓ（２０１９）（前掲）に記載のように、ＣＬＩＰ－ｓｅｑによって測定される。

【０３６１】

エンドヌクレアーゼドメイン及びＤＮＡ結合ドメイン

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、エンドヌクレアーゼドメインを介したＤＮＡ標的部位切断の機能を有する。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、標的核酸に結合するためのＤＮＡ結合ドメインを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン）は、２つ以上のより小さいドメイン、例えば、ＤＮＡ結合ドメイン及びエンドヌクレアーゼドメインを含む。ＤＮＡ結合ドメイン（例えば、Ｃａｓドメイン）が、標的核酸配列に結合すると記載される場合、一部の実施形態では、結合は、ｇＲＮＡによって媒介されることが理解される。

【０３６２】

一部の実施形態では、ドメインは、２つの機能を有する。例えば、一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＤＮＡ結合ドメインでもある。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）結合ドメインでもある。例えば、一部の実施形態では、ポリペプチドは、ｇＲＮＡを含む鋳型ＲＮＡに結合し、標的ＤＮＡ配列（例えば、ｇＲＮＡの一部に対する相補性を有する）に結合し、且つ標的ＤＮＡ配列を切断する、ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインを含む。一部の実施形態では、異種の源に由来するエンドヌクレアーゼドメイン又はエンドヌクレアーゼ／ＤＮＡ結合ドメインは、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムにおいて、使用され得るか又は（例えば、１つ又は複数の残基の挿入、欠失又は置換によって）修飾され得る。

【０３６３】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はエンドヌクレアーゼ／ＤＮＡ結合ドメインをコードする核酸は、例えばヒト細胞について改善された、改変されたコドン使用を有するように、その天然配列から改変される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼエレメントは、異種エンドヌクレアーゼエレメント、例えば、Ｃａｓエンドヌクレアーゼ（例えば、Ｃａｓ９）、ＩＩ型制限エンドヌクレアーゼ（例えば、Ｆｏｋ１）、メガヌクレアーゼ（例えば、Ｉ－ＳｃｅＩ）、又は他のエンドヌクレアーゼドメインである。

【０３６４】

特定の態様では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインは、所望の宿主ＤＮＡ標的配列への結合のため、選択、設計、又は構築される。特定の実施形態では、ポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインは、異種ＤＮＡ結合因子である。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、ジンクフィンガー因子又はＴＡＬエフェクター因子、例えば、ジンクフィンガー又はＴＡＬポリペプチド又はその機能的フラグメントである。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、エンドヌクレアーゼ活性を有しないように改変されている、Ｃａｓ９、Ｃｐｆ１、又は他のＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質などの配列誘導性のＤＮＡ結合因子である。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、エンドヌクレアーゼ活性を保持する。一部の実施形態では、異種ＤＮＡ結合因子は、ｓｓＤＮＡを切断するような部分的なエンドヌクレアーゼ活性を保持し、例えば、ニッカーゼ活性を有する。特定の実施形態では、異種ＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ９、ＴＡＬドメイン、ＺＦドメイン、Ｍｙｂドメイン、それらの組合せ、又はそれらの複合体のいずれか１つ又は複数であり得る。

【０３６５】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、例えば、部位特異的突然変異によって修

飾されることで、ＤＮＡ結合因子（例えば、ジンクフィンガーの数及び／又は特異性）などを増加又は減少させ、ＤＮＡ－結合特異性及び親和性を改変する。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインをコードする核酸配列は、例えばヒト細胞について改善された、改変されたコドン使用を有するように、その天然配列から改変される。複数の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、野生型ＤＮＡ結合ドメインに対して１つ又は複数の修飾、例えば、指向性進化、例えば、ファージ支援連続進化（ＰＡＣＥ）による修飾を含む。

【０３６６】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、メガヌクレアーゼドメイン（例えば、エンドヌクレアーゼドメイン部分における、例えば、本明細書に記載されるもの）、又はその機能的フラグメントを含む。一部の実施形態では、メガヌクレアーゼドメインは、エンドヌクレアーゼ活性、例えば、二本鎖切断及び／又はニッカーゼ活性を有する。他の実施形態では、メガヌクレアーゼドメインは、低下した活性を有し、例えば、エンドヌクレアーゼ活性が欠失しており、例えば、メガヌクレアーゼは、触媒的に不活性である。一部の実施形態では、触媒的に不活性なメガヌクレアーゼは、例えば、Ｆｏｎｆａｒａ ｅｔ ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４０（２）：８４７－８６０（２０１２）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＤＮＡ結合ドメインとして使用される。

【０３６７】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、野生型ポリペプチドと比べて、ＤＮＡ結合ドメインに対する修飾を含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、元のＤＮＡ結合ドメインのアミノ酸配列に対する付加、欠失、置換、又は修飾を含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合する異種機能ドメインを含むように修飾される。一部の実施形態では、機能ドメインは、ポリペプチドの先のＤＮＡ結合ドメインの少なくとも一部（例えば、その全体）で置換する。一部の実施形態では、機能ドメインは、ジンクフィンガー（例えば、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合するジンクフィンガーを含む。一部の実施形態では、機能ドメインは、Ｃａｓドメイン（例えば、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合するＣａｓドメインを含む。一部の実施形態では、Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９又はその突然変異体若しくは変異体（例えば、本明細書に記載される）を含む。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、例えば、本明細書に記載されるように、ガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）と会合する。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、ｇＲＮＡにより、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に導かれる。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、ｇＲＮＡと同じ核酸（例えば、ＲＮＡ）分子においてコードされる。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインは、ｇＲＮＡと異なる核酸（例えば、ＲＮＡ）分子においてコードされる。

【０３６８】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、標準ＤＮＡ結合ドメインよりも高い親和性で、標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に結合することができる。一部の実施形態では、標準ＤＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）のＣａｓ９由来のＤＮＡ結合ドメインである。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、１００ｐＭ～１０ｎＭ（例えば、１００ｐＭ～１ｎＭ又は１ｎＭ～１０ｎＭ）の親和性で、標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に結合することができる。

【０３６９】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインの、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に対する親和性は、例えば、Ａｓｍａｒｉ ｅｔ ａｌ．Ｍｅｔｈｏｄｓ １４６：１０７－１１９（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、熱泳動によりインビトロで測定される。

【０３７０】

実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、モル過剰の、例えば、約１００倍モル過剰のスクランブル配列競合ｄｓＤＮＡの存在下で、例えば、１００ｐＭ～１０ｎＭ（例えば、１

００ｐＭ～１ｎＭ又は１ｎＭ～１０ｎＭ）の親和性で、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）に結合することができる。

【０３７１】

一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、例えば、Ｈｅ ａｎｄ Ｐｕ（２０１０）Ｃｕｒｒ．Ｐｒｏｔｏｃ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ Ｃｈａｐｔｅｒ ２１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、ＣｈＩＰ－ｓｅｑ（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞中で）により測定して、標的細胞、例えば、ヒト標的細胞のゲノム中のいずれか他の配列よりも高い頻度で、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）と結合していることが認められる。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、例えば、Ｈｅ ａｎｄ Ｐｕ（２０１０）（前掲）に記載のように、例えば、ＣｈＩＰ－ｓｅｑ（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ中で）により測定して、標的細胞のゲノム中のいずれか他の配列よりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で、その標的配列（例えば、ｄｓＤＮＡ標的配列）と結合していることが認められる。

【０３７２】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ニッカーゼ活性を有し、標的ＤＮＡの１つの鎖を切断する。一部の実施形態では、ニッカーゼ活性は、標的部位における二本鎖切断の形成を減少させる。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的ＤＮＡの第１の鎖及び第２の鎖におけるねじれ型のニック構造を生成する。一部の実施形態では、ねじれ型のニック構造は、標的部位における遊離３’オーバーハングを生成する。一部の実施形態では、標的部位における遊離３’オーバーハングは、例えば、鋳型核酸の３’相同性領域のアクセス及びアニーリングを強化することによって編集効率を改善する。一部の実施形態では、ねじれ型のニック構造は、標的部位における二本鎖切断の形成を減少させる。

【０３７３】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的ＤＮＡの両方の鎖を切断し、例えば、切断部位のいずれの側にもｓｓＤＮＡオーバーハングを有さない標的の平滑末端切断をもたらす。本明細書に記載される遺伝子組換えシステムのエンドヌクレアーゼドメインのアミノ酸配列は、本明細書に記載されるエンドヌクレアーゼドメイン、例えば、本明細書に記載されるエンドヌクレアーゼドメインのアミノ酸配列と、少なくとも約５０％、少なくとも約６０％、少なくとも約７０％、少なくとも約８０％、少なくとも約８５％、少なくとも約９０％、少なくとも約９５％、少なくとも約９６％、少なくとも約９７％、少なくとも約９８％、少なくとも約９９％同一であり得る。

【０３７４】

特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、Ｆｏｋ１又はその機能性断片である。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、ホリデイジャンクションリゾルバーゼ又はその相同体、例えば、スルホロブス・ソルファタリカス（Ｓｕｌｆｏｌｏｂｕｓ ｓｏｌｆａｔａｒｉｃｕｓ）からのホリデイジャンクション切断酵素（Ｓｓｏｌ Ｈｊｅ）である（Ｇｏｖｉｎｄａｒａｊｕ ｅｔ ａｌ．，Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓｅａｒｃｈ ４４：７，２０１６）。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、Ｐｒｐ８などのスプライセオソームタンパク質の大きい断片のエンドヌクレアーゼである（Ｍａｈｂｕｂ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｂｉｌｅ ＤＮＡ ８：１６，２０１７）。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、ＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質、例えば、Ｃａｓ９に由来する。特定の実施形態では、異種エンドヌクレアーゼは、ｓｓＤＮＡ切断活性のみ、例えば、ニッカーゼ活性のみを有するように、例えば、Ｃａｓ９ニッカーゼ、例えば、Ｄ１０Ａ、Ｈ８４０Ａ、又はＮ８６３Ａ突然変異を有するＳｐＣａｓ９であるように改変される。表８は、例示的なＣａｓタンパク質及びニッカーゼ活性に関連する突然変異を示す。更に他の実施形態では、相同エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、部位特異的突然変異によって修飾されることで、ＤＮＡエンドヌクレアーゼ活性を改変する。更に他の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、ＤＮＡ配列特異性を付与する領域を不活性化するために、ＤＮＡ配列特異性又は突然変異を付与するドメインを除

去するための切断により、ＤＮＡ配列特異性を低下させるように修飾される。
【０３７５】
一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ニッカーゼ活性を有し、二本鎖切断を形成しない。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、二本鎖切断より高い頻度で一本鎖切断を形成し、例えば、切断の少なくとも９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％は、一本鎖切断であり、又は切断の１０％、５％、４％、３％、２％若しくは１％未満は、二本鎖切断である。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼは、二本鎖切断を実質的に形成しない。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼは、検出可能なレベルの二本鎖切断を形成しない。
【０３７６】
一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れるニッカーゼ活性を有し；例えば、一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ライティングドメインによって伸長されることになる鎖上の改変部位近傍の標的部位のゲノムＤＮＡを切断する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れ、第２の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れないニッカーゼ活性を有する。例えば、ポリペプチドが、ニッカーゼ活性を有するＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインを含むとき、一部の実施形態では、前記ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインは、ＰＡＭ部位を含む標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れる（例えば、そしてＰＡＭ部位を含まない標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れない）。更なる例として、ポリペプチドが、ニッカーゼ活性を有するＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインを含むとき、一部の実施形態では、前記ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインは、ＰＡＭ部位を含まない標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れる（例えば、そしてＰＡＭ部位を含む標的部位ＤＮＡ鎖に切れ目を入れない）。
【０３７７】
いくつかの他の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖及び第２の鎖の標的部位ＤＮＡに切れ目を入れるニッカーゼ活性を有する。特定の理論に束縛されることを意図しないが、本明細書に記載のポリペプチドのライティングドメイン（例えば、ＲＴドメイン）が鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列から重合（例えば、逆転写）後、細胞ＤＮＡ修復機構は、第１のＤＮＡ鎖上のニックを修復しなければならない。標的部位ＤＮＡはここで、第１のＤＮＡ鎖に対して２つの異なる配列を含み：１番目は元のゲノムＤＮＡ（例えば、自由５’末端を有する）に対応し、２番目は異種目的配列（例えば、自由３’末端を有する）から重合されたものに対応する。２つの異なる配列が互いに平衡化し、まず一方、次いで他方が第２の鎖とハイブリダイズすると考えられ、ここで細胞ＤＮＡ修復装置のその修復標的部位への組み込みの順序は確率過程であると考えられる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、更なるニックの第２の鎖への導入が、異種目的配列に基づく配列を元のゲノム配列よりも頻繁に用いるように、細胞ＤＮＡ修復機構をバイアスし得ると考えられる（Ａｎｚａｌｏｎｅ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔｕｒｅ　５７６：１４９－１５７（２０１９））。一部の実施形態では、更なるニックは、標的部位修飾（例えば、挿入、欠失又は置換）の５’若しくは３’又は第１の鎖上のニックに対して、少なくとも１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１０５、１１０、１１５、１２０、１２５、１３０、１３５、１４０、１４５若しくは１５０ヌクレオチドに位置づけられる。
【０３７８】
代替的に又は追加的に、特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖に対する更なるニックが第２の鎖合成を促進し得ると考えられる。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムが第１の鎖の一部を挿入又は置換している場合、第２の鎖における挿入／置換に対応する新しい配列の合成が必要である。
【０３７９】
一部の実施形態では、ポリペプチドは、エンドヌクレアーゼ活性を有する単一ドメイン

（例えば、単一エンドヌクレアーゼドメイン）を含み、前記ドメインは、第１の鎖及び第２の鎖の両方に切れ目を入れる。例えば、こうした実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＣＲＩＳＰＲ関連エンドヌクレアーゼドメインであり得、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、第１の鎖のニッキングを導くｇＲＮＡスペーサー及び第２の鎖のニッキングを導く更なるｇＲＮＡスペーサーを含む。一部の実施形態では、ポリペプチドは、エンドヌクレアーゼ活性を有する複数のドメインを含み、第１のエンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖に切れ目を入れ、且つ第２のエンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖に切れ目を入れる（任意選択で、第１のエンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖に切れ目を入れず（例えば、それができず）、且つ第２のエンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖に切れ目を入れない（例えば、それができない））。

【０３８０】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１の鎖及び第２の鎖に切れ目を入れることができる。一部の実施形態では、第１の鎖及び第２の鎖ニックは、標的部位における同じ位置で起こるが、逆鎖上では起きない。一部の実施形態では、第２の鎖ニックは、例えば、第１ニックから上流又は下流の、ねじれた位置で起こる。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖ニックが第１の鎖ニックの上流にある場合、標的部位の欠失を生成する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第２の鎖ニックが第１の鎖ニックの下流にある場合、標的部位の重複を生成する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、第１及び第２の鎖ニックが標的部位の同じ位置で起こる場合、重複及び／又は欠失を生成しない。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、（例えば、Ｃｈｒｉｓｔｅｎｓｅｎ　ｅｔ　ａｌ．ＰＮＡＳ　２００６に記載のとおり；その全体は参照により本明細書に組み込まれる）第１の鎖又は第２の鎖のニッキングを促進する、タンパク質立体構造又はＲＮＡ結合状態に応じた、改変された活性を有する。

【０３８１】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ホーミングエンドヌクレアーゼ、又はその機能性断片を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えばファミリー名に示されるとおり、例えば、保存されたアミノ酸モチーフを有する、ＬＡＧＬＩＤＡＤＧ（配列番号１５４６４）、ＧＩＹ－ＹＩＧ、ＨＮＨ、Ｈｉｓ－Ｃｙｓ　Ｂｏｘ、又はＰＤ－（Ｄ／Ｅ）ＸＫファミリーからのメガヌクレアーゼ、又はその機能性断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、Ｉ－ＳｍａＭＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｆ７ＷＤ４２）、Ｉ－ＳｃｅＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ０３８８２）、Ｉ－ＡｎｉＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ０３８８０）、Ｉ－ＤｍｏＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ２１５０５）、Ｉ－ＣｒｅＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ０５７２５）、Ｉ－ＴｅｖＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｐ１３２９９）、Ｉ－ＯｎｕＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｑ４ＶＷＷ５）、又はＩ－ＢｍｏＩ（Ｕｎｉｐｒｏｔ　Ｑ９ＡＮＲ６）から選択されるメガヌクレアーゼ、又はその断片を含む。一部の実施形態では、メガヌクレアーゼは、天然には、その機能的形態において、単量体、例えば、Ｉ－ＳｃｅＩ、Ｉ－ＴｅｖＩ、又は二量体、例えば、Ｉ－ＣｒｅＩである。例えば、ＬＡＧＬＩＤＡＤＧモチーフ（配列番号１５４６４）の単一コピーを有するＬＡＧＬＩＤＡＤＧメガヌクレアーゼ（配列番号１５４６４として開示される「ＬＡＧＬＩＤＡＤＧ」）は、一般にホモ二量体を形成する一方、ＬＡＧＬＩＤＡＤＧモチーフ（配列番号１５４６４）の２つのコピーを有するメンバーは、一般に単量体として見出される。一部の実施形態では、通常は二量体として形成するメガヌクレアーゼは、融合体として発現され、例えば、２つのサブユニットは、単一のＯＲＦとして、任意選択で、リンカーによって連結された、例えばＩ－ＣｒｅＩ二量体融合体として発現される（Ｒｏｄｒｉｇｕｅｚ－Ｆｏｒｎｅｓ　ｅｔ　ａｌ．Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒａｐｙ　２０２０；その全体は参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片は、二本鎖ＤＮＡ分子、例えば、Ｉ－ＳｃｅＩ（Ｋ１２２Ｉ及び／又はＫ２２３Ｉ）（Ｎｉｕ　ｅｔ　ａｌ．Ｊ　Ｍｏｌ　Ｂ

ｉｏｌ ２００８）、Ｉ－ＡｎｉＩ（Ｋ２２７Ｍ）（ＭｃＣｏｎｎｅｌｌ Ｓｍｉｔｈ ｅｔ ａｌ．ＰＮＡＳ ２００９）、Ｉ－ＤｍｏＩ（Ｑ４２Ａ及び／又はＫ１２０Ｍ）（Ｍｏｌｉｎａ ｅｔ ａｌ．Ｊ Ｂｉｏｌ Ｃｈｅｍ ２０１５）の一方の鎖においてニッカーゼ活性を優先するように改変される。一部の実施形態では、一本鎖切断についてのこの優先性を有するメガヌクレアーゼ又はその機能性断片は、例えばニッカーゼ活性を有するエンドヌクレアーゼドメインとして使用される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、安全な港湾部位、例えば、Ｉ－ＣｒｅＩを標的にするＳＨ６部位を天然に標的にする、又は標的にするように改変された、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片を含む（Ｒｏｄｒｉｇｕｅｚ－Ｆｏｒｎｅｓ ｅｔ ａｌ．、上記）。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、配列耐性触媒ドメインを有する、メガヌクレアーゼ、又はその機能性断片、例えば、最小モチーフＣＮＮＮＧを認識するＩ－ＴｅｖＩを含む（Ｋｌｅｉｎｓｔｉｖｅｒ ｅｔ ａｌ．ＰＮＡＳ ２０１２）。一部の実施形態では、標的配列耐性触媒ドメインは、ＤＮＡ結合ドメインに融合され、例として、例えば、Ｉ－ＴｅｖＩを、（ｉ）Ｔｅｖ－ＺＦＥを作出するためのＺｎフィンガー（Ｋｌｅｉｎｓｔｉｖｅｒ ｅｔ ａｌ．ＰＮＡＳ ２０１２）、（ｉｉ）ＭｅｇａＴｅｖを作出するための他のメガヌクレアーゼ（Ｗｏｌｆｓ ｅｔ ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ２０１４）、及び／又は（ｉｉｉ）ＴｅｖＣａｓ９を作出するためのＣａｓ９（Ｗｏｌｆｓ ｅｔ ａｌ．ＰＮＡＳ ２０１６）に融合させることによって活性を誘導する。

【０３８２】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、制限酵素、例えば、タイプＩＩＳ又はタイプＩＩＰ制限酵素を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、タイプＩＩＳ制限酵素、例えば、ＦｏｋＩ又はその断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、タイプＩＩＰ制限酵素、例えば、ＰｖｕＩＩ又はその断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、二量体制限酵素は、それが一本鎖として機能するように、融合体、例えば、ＦｏｋＩ二量体融合体として発現される（Ｍｉｎｃｚｕｋ ｅｔ ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ３６（１２）：３９２６－３９３８（２００８））。

【０３８３】

更なるエンドヌクレアーゼドメインの使用は、例えば、Ｇｕｈａ ａｎｄ Ｅｄｇｅｌｌ Ｉｎｔ Ｊ Ｍｏｌ Ｓｃｉ １８（２２）：２５６５（２０１７）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【０３８４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、野生型Ｃａｓタンパク質と比べて、エンドヌクレアーゼドメインに対する修飾を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、野生型Ｃａｓタンパク質のアミノ酸配列に対する付加、欠失、置換、又は修飾を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、目的の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列に特異的に結合し、且つ／又はそのエンドヌクレアーゼ切断を誘導する異種機能ドメインを含むように修飾される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ジンクフィンガーを含む。複数の実施形態では、Ｃａｓドメインを含むエンドヌクレアーゼドメインは、例えば、本明細書に記載される、ガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）と会合する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、特定の標的核酸（例えば、ＤＮＡ）配列を標的にしない機能ドメインを含むように修飾される。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、Ｆｏｋ１ドメインを含む。

【０３８５】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的ｄｓＤＮＡと、インビトロでスクランブルｄｓＤＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、例えば、細胞（例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞）内で、標的ｄｓＤＮＡと、インビトロでスクランブルｄｓＤＮＡよりも少なくとも約５倍又は１０倍高い頻度で会合する。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインと標的ＤＮＡ又はスクランブルＤＮＡとの間の会合の頻度は、例えば、Ｈｅ ａｎｄ

Ｐｕ（２０１０）Ｃｕｒｒ．Ｐｒｏｔｏｃ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ Ｃｈａｐｔｅｒ ２１（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ＣｈＩＰ－ｓｅｑによって測定される。

【０３８６】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、標的配列でのニックの形成を、例えば、非標的配列と比較して（例えば、標的細胞のゲノム中の任意の他のゲノム配列と比較して）、少なくとも約５倍又は１０倍の増加まで触媒し得る。一部の実施形態では、ニック形成のレベルは、例えば、Ｅｌａｃｑｕａ ｅｔ ａｌ．（２０１９）ｂｉｏＲｘｉｖ ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／８６７９３７（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ニックＳｅｑを用いて測定される。

【０３８７】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、インビトロでのＤＮＡのニッキングが可能である。複数の実施形態では、ニックは、露出された塩基をもたらす。複数の実施形態では、露出された塩基は、例えば、Ｃｈａｕｄｈｒｙ ａｎｄ Ｗｅｉｎｆｅｌｄ（１９９５）Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ２３（１９）：３８０５－３８０９（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、ヌクレアーゼ感受性アッセイを用いて検出され得る。複数の実施形態では、（例えば、ヌクレアーゼ感受性アッセイによって検出された）露出された塩基のレベルは、参照エンドヌクレアーゼドメインと比較して、少なくとも１０％、５０％若しくはそれ以上増加する。一部の実施形態では、参照エンドヌクレアーゼドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）のＣａｓ９由来のエンドヌクレアーゼドメインである。

【０３８８】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、細胞内のＤＮＡのニッキングが可能である。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内のＤＮＡのニッキングが可能である。複数の実施形態では、Ｒａｄ５１の非存在下で複製を受ける未修復のニックは、例えば、Ｂｏｔｈｍｅｒ ｅｔ ａｌ．（２０１７）Ｎａｔ Ｃｏｍｍｕｎ ８：１３９０５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載の、例えば、Ｒａｄ５１阻害アッセイを用いることによって検出可能である、ニックの部位でのＮＨＥＪ率の増加をもたらす。複数の実施形態では、ＮＨＥＪ率は、０～５％超増加する。複数の実施形態では、ＮＨＥＪ率は、例えば、Ｒａｄ５１阻害時、２０～７０％（例えば、３０％～６０％又は４０～５０％）まで増加する。

【０３８９】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、切断後、標的を放出する。一部の実施形態では、標的の放出は、例えば、Ｙｏｕｒｉｋ ａｔ ａｌ．ＲＮＡ ２５（１）：３５－４４（２０１９）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、また図２に示すように、酵素による複数のターンオーバーについて評価することによって間接的に示される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインの$k_{exp}$は、こうした方法により測定して、$1\times10^{-3}$～$1\times10^{-5}$分－１である。

【０３９０】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、インビトロで約$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率（$k_{cat}/K_m$）を有する。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、インビトロで約$1\times10^{5}$、$1\times10^{6}$、$1\times10^{7}$、又は$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率を有する。複数の実施形態では、触媒効率は、Ｃｈｅｎ ｅｔ ａｌ．（２０１８）Ｓｃｉｅｎｃｅ ３６０（６３８７）：４３６－４３９（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように決定される。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、細胞内で約$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率（$k_{cat}/K_m$）を有する。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメインは、細胞内で約$1\times10^{5}$、$1\times10^{6}$、$1\times10^{7}$、又は$1\times10^{8}s^{-1}M^{-1}$を超える触媒効率を有する。

【０３９１】

Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド
　一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓドメインを含む。一部の実施形態では、Ｃａｓドメインは、遺伝子組換えポリペプチドを、ｇＲＮＡスペーサーによって特定される標的部位に導き、それにより、「ｃｉｓ」における標的核酸配列を修飾し得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓドメインに融合される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメイン（本明細書においてＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質とも呼ばれる）を含む。一部の実施形態では、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインは、クラスター化して規則的な配置の短い回文配列リピート（ＣＲＩＳＰＲ）システムに関与するタンパク質、例えば、Ｃａｓタンパク質を含み、任意選択で、ガイドＲＮＡ、例えば単一ガイドＲＮＡ（ｓｇＲＮＡ）に結合する。

【０３９２】
　ＣＲＩＳＰＲシステムは、最初に細菌及び古細菌において発見された適応防御システムである。ＣＲＩＳＰＲシステムは、外来ＤＮＡを切断するため、ＣＲＩＳＰＲ関連又は「Ｃａｓ」エンドヌクレアーゼ（例えば、Ｃａｓ９又はＣｐｆ１）と称されるＲＮＡ誘導型ヌクレアーゼを使用する。例えば、典型的なＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓシステムにおいて、エンドヌクレアーゼは、一本鎖又は二本鎖ＤＮＡ配列を標的にする、配列特異的な非コード「ガイドＲＮＡ」により、標的ヌクレオチド配列（例えば、配列編集対象のゲノム中の部位）に導かれる。ＣＲＩＳＰＲシステムの３つのクラス（Ｉ～ＩＩＩ）は、同定されている。クラスＩＩ　ＣＲＩＳＰＲシステムは、（複数のＣａｓタンパク質ではなく）単一のＣａｓエンドヌクレアーゼを使用する。１つのクラスＩＩ　ＣＲＩＳＰＲシステムは、Ｃａｓ９、ＣＲＩＳＰＲ　ＲＮＡ（「ｃｒＲＮＡ」）、及びトランス活性化ｃｒＲＮＡ（「ｔｒａｃｒＲＮＡ」）などのＩＩ型Ｃａｓエンドヌクレアーゼを含む。ｃｒＲＮＡは、典型的に、標的ＤＮＡ配列に対応する約２０ヌクレオチドのＲＮＡ配列である「スペーサー」配列（プロトスペーサー）を含む。野生型システムにおいて、またいくつかの改変システムにおいて、ｃｒＲＮＡは、ｔｒａｃｒＲＮＡに結合し、リボヌクレアーゼＩＩＩによって切断される、部分的に二本鎖の構造を形成し、ｃｒＲＮＡ／ｔｒａｃｒＲＮＡハイブリッド分子をもたらす領域も含む。次に、ｃｒＲＮＡ／ｔｒａｃｒＲＮＡハイブリッドは、Ｃａｓエンドヌクレアーゼを、標的ＤＮＡ配列を認識し、切断するように導く。標的ＤＮＡ配列は、一般に、所与のＣａｓエンドヌクレアーゼに特異的であり、ｃｒＲＮＡのスペーサーに一致する標的部位における切断活性に必要とされる「プロトスペーサー隣接モチーフ」（「ＰＡＭ」）に隣接する。様々な原核生物種から同定されたＣＲＩＳＰＲエンドヌクレアーゼは、例えば、表７中の例示的なＣａｓ酵素について列挙される、固有のＰＡＭ配列の要件を有し；ＰＡＭ配列の例として、５’－ＮＧＧ（化膿レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｐｙｏｇｅｎｅｓ））、５’－ＮＮＡＧＡＡ（ストレプトコッカス・サーモフィラス（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）ＣＲＩＳＰＲ１）、５’－ＮＧＧＮＧ（ストレプトコッカス・サーモフィラス（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）ＣＲＩＳＰＲ３）、及び５’－ＮＮＮＧＡＴＴ（髄膜炎菌（Ｎｅｉｓｓｅｒｉａ　ｍｅｎｉｎｇｉｄｉｔｉｓ））が挙げられる。いくつかのエンドヌクレアーゼ、例えば、Ｃａｓ９エンドヌクレアーゼは、Ｇリッチ ＰＡＭ部位、例えば５’－ＮＧＧと会合し、ＰＡＭ部位から上流（から５’側）の３つのヌクレオチドの位置で標的ＤＮＡの平滑末端切断を実施する。別のクラスＩＩ　ＣＲＩＳＰＲシステムは、Ｃａｓ９より小さいＶ型エンドヌクレアーゼＣｐｆ１を含み；例として、ＡｓＣｐｆ１（アシダミノコッカス種（Ａｃｉｄａｍｉｎｏｃｏｃｃｕｓ　ｓｐ．）由来）及びＬｂＣｐｆ１（ラクノスピラセアエ種（Ｌａｃｈｎｏｓｐｉｒａｃｅａｅ　ｓｐ．）由来）が挙げられる。Ｃｐｆ１関連ＣＲＩＳＰＲアレイは、ｔｒａｃｒＲＮＡを必要とせず、成熟ｃｒＲＮＡに処理され；換言すれば、Ｃｐｆ１システムは、一部の実施形態において、標的ＤＮＡ配列を切断するため、専らＣｐｆ１ヌクレアーゼ及びｃｒＲＮＡを含む。Ｃｐｆ１エンドヌクレアーゼは、典型的に、Ｔリッチ ＰＡＭ部位、例えば５’－ＴＴＮと会合する。Ｃｐｆ１は、５’－ＣＴＡ　ＰＡＭモチーフも認識し得る。Ｃｐｆ１は、典型的に

、オフセット又はねじれ型の二本鎖切断を４－又は５－ヌクレオチドの５’オーバーハングに導入し、例えば、コード鎖上のＰＡＭ部位から１８ヌクレオチド下流（３’側）及び相補鎖上のＰＡＭ部位から２３ヌクレオチド下流に位置する、５－ヌクレオチドのオフセット又はねじれ型切断によって標的ＤＮＡを切断することによって標的ＤＮＡを切断し；こうしたオフセット切断から得られる５－ヌクレオチドのオーバーハングは、平滑末端切断ＤＮＡでの挿入ではなく、相同組換えによるＤＮＡ挿入により、より正確なゲノム編集を可能にする。例えば、Ｚｅｔｓｃｈｅ ｅｔ ａｌ．（２０１５）Ｃｅｌｌ，１６３：７５９－７７１を参照されたい。

【０３９３】

種々のＣＲＩＳＰＲ関連（Ｃａｓ）遺伝子又はタンパク質は、本開示によって提供される技術において使用することができ、Ｃａｓタンパク質の選択は、その方法の特定条件に依存することになる。Ｃａｓタンパク質の具体例として、Ｃａｓ１、Ｃａｓ２、Ｃａｓ３、Ｃａｓ４、Ｃａｓ５、Ｃａｓ６、Ｃａｓ７、Ｃａｓ８、Ｃａｓ９、Ｃａｓ１０、Ｃｐｆ１、Ｃ２Ｃ１、又はＣ２Ｃ３を含むクラスＩＩシステムが挙げられる。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質、例えば、Ｃａｓ９タンパク質は、種々の原核生物種のいずれに由来し得る。一部の実施形態では、特定のＣａｓタンパク質、例えば、特定のＣａｓ９タンパク質は、特定のプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）配列を認識するように選択される。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメイン又はエンドヌクレアーゼドメインは、Ｃａｓタンパク質、例えば、Ｃａｓ９などの配列標的化ポリペプチドを含む。特定の実施形態では、Ｃａｓタンパク質、例えばＣａｓ９タンパク質は、細菌若しくは古細菌から得ることができるか、又は公知の方法を用いて合成され得る。特定の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、グラム陽性細菌又はグラム陰性細菌に由来し得る。特定の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、連鎖球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ）（例えば、化膿性連鎖球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）、又はＳ．サーモフィラス（Ｓ．ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ））、フランシセラ（Ｆｒａｎｃｉｓｅｌｌａ）（例えば、Ｆ．ノビシダ（Ｆ．ｎｏｖｉｃｉｄａ））、ブドウ球菌（Ｓｔａｐｈｙｌｏｃｏｃｃｕｓ）（例えば、黄色ブドウ球菌（Ｓ．ａｕｒｅｕｓ））、アシダミノコッカス（Ａｃｉｄａｍｉｎｏｃｏｃｃｕｓ）（例えば、アシダミノコッカス種ＢＶ３Ｌ６（Ａｃｉｄａｍｉｎｏｃｏｃｃｕｓ ｓｐ．ＢＶ３Ｌ６））、ナイセリア（Ｎｅｉｓｓｅｒｉａ）（例えば、髄膜炎菌（Ｎ．ｍｅｎｉｎｇｉｔｉｄｉｓ））、クリプトコッカス（ｃｒｙｐｔｏｃｏｃｃｕｓ）、コリネバクテリウム（Ｃｏｒｙｎｅｂａｃｔｅｒｉｕｍ）、ヘモフィルス（Ｈａｅｍｏｐｈｉｌｕｓ）、真正細菌（Ｅｕｂａｃｔｅｒｉｕｍ）、パスツレラ（Ｐａｓｔｅｕｒｅｌｌａ）、プレボテーラ（Ｐｒｅｖｏｔｅｌｌａ）、ベイロネラ（Ｖｅｉｌｌｏｎｅｌｌａ）、又はマリノバクター（Ｍａｒｉｎｏｂａｃｔｅｒ）に由来し得る。

【０３９４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、以下の配列番号４０００のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列を含み得る。複数の実施形態では、以下の配列番号４０００のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＮ末端に位置している。複数の実施形態では、以下の配列番号４０００のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＮ末端の１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、又は３０アミノ酸以内に位置している。

例示的なＮ末端ＮＬＳ－Ｃａｓ９ドメイン

【化５】

MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF
DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHP
IFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDV
DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVN
TEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR
EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLK
EDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDR
EMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
MQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPE
NIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD
MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ
LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKL
IREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDY
KVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKG
RDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAY
SVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEI
IEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR
KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGG ( 配列番号 : 4000)

【０３９５】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、以下の配列番号４００１のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列を含み得る。複数の実施形態では、以下の配列番号４００１のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＣ末端に位置している。複数の実施形態では、以下の配列番号４００１のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列は、遺伝子組換えポリペプチドのＣ末端の１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１５、２０、２５、又は３０アミノ酸以内に位置している。

ＮＬＳを含む例示的なＣ末端配列

ＡＧＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４００１）

例示的なベンチマーク配列

【化６】

MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF
DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHP
IFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDV
DKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVN
TEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFY
KFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR
EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKN
LPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLK
EDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDR
EMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNF
MQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPE
NIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD
MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ
LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKL
IREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDY
KVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKG
RDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAY
SVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEI
IEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR
KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGG
SSGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATS
TPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNK
RVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLT
WTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLG
NLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRL
FIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGY
AKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAV
EALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHG
TRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQ
ALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSI
IHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRT
ADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE（配列番号：4002）

【０３９６】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表７若しくは８に列挙されるＣａｓドメイン、又はその機能的フラグメント、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％の同一性を有する配列を含み得る。

【０３９７】

【表７】

表7. CRISPR/Casタンパク質、種、及び突然変異

| 名称 | 酵素 | 種 | AAの数 | PAM | 配列番号 | PAM認識を改変するための突然変異 | 触媒不活性化のための突然変異 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| FnCas9 | Cas9 | フランシセラ・ノビシダ (Francisella noviicida) | 1629 | 5'-NGG-3' | | Wt | D11A/H969A/N995A |
| FnCas9 RHA | Cas9 | フランシセラ・ノビシダ (Francisella noviicida) | 1629 | 5'-YG-3' | | E1369R/E1449H/R1556A | D11A/H969A/N995A |
| SaCas9 | Cas9 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | 1053 | 5'-NNGRRT-3' | | Wt | D10A/H557A |
| SaCas9 KKH | Cas9 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | 1053 | 5'-NNNRRT-3' | | E782K/N968K/R1015H | D10A/H557A |
| SpCas9 | Cas9 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | 1368 | 5'-NGG-3' | | Wt | D10A/D839A/H840A/N863A |
| SpCas9 VQR | Cas9 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | 1368 | 5'-NGA-3' | | D1135V/R1335Q/T1337R | D10A/D839A/H840A/N863A |
| AsCpf1 RR | Cpf1 | アシダミノコッカス属 (Acidaminococcus sp. BV3L6 | 1307 | 5'-TYCV-3' | | S542R/K607R | E993A |
| AsCpf1 RVR | Cpf1 | アシダミノコッカス属 (Acidaminococcus sp. BV3L6 | 1307 | 5'-TATV-3' | | S542R/K548V/N552R | E993A |
| FnCpf1 | Cpf1 | フランシセラ・ノビシダ (Francisella noviicida) | 1300 | 5'-NTTN-3' | | Wt | D917A/E1006A/D1255A |
| NmCas9 | Cas9 | 髄膜炎菌 (Neisseria meningitidis) | 1082 | 5'-NNNGATT-3' | | Wt | D16A/D587A/H588A/N611A |

【０３９８】

【表８－１】

表8. CRISPR/Casタンパク質、種、及び突然変異のアミノ酸配列

| 変異体 | 親宿主 | タンパク質配列 | 配列番号 | ニッカーゼ (HNH | ニッカーゼ (HNH) | ニッカーゼ (RuvC) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Nme2Cas9 | 髄膜炎菌 (Neisseria meningitidis) | MAAFKPNPINYILGLDIGIASVGWAMVEIDEEENPIRLIDLGVRVFERAEVPKTGDSLAMARRLARSVRRLTRRRAHRLLRARRLLKREGVLQAADFDENGLIKSLPNTPWQLRAAALDRKLTPLEWSAVLLHLIKHRGYLSQRKNEGETADKELGALLKGVANNAHALQTGDFRTPAELALNKFEKESGHIRNQRGDYSHTFSRKDLQAELILLFEKQKEFGNPHVSGGLKEGIETLLMTQRPALSGDAVQKMLGHCTFEPAEPKAAKNTYTAERFIWLTKLNNLRILEQGSERPLTDTERATLMDEPYRKSKLTYAQARKLLGLEDTAFFKGLRYGKDNAEASTLMEMKAYHAISRALEKEGLKDKKSPLNLSSELQDEIGTAFSLFKTDEDITGRLKDRVQPEILEALLKHISFDKFVQISLKALRRIVPLMEQQGKRYDEACAEIYGDHYGKKNTEEKIYLPPIPADEIRNPVVLRALSQARKVINGVVRRYGSPARIHIETAREVGKSFKDRKEIEKRQEENRKDREKAAAKFREYFPNFVGEPKSKDILKLRLYEQQHGKCLYSGKEINLVRLNEKGYVEIDHALPFSRTWDDSFNNKVLVLGSENQNKGNQTPYEYFNGKDNSRDWQEFKARVETSRFPRSKKQRILLQKFDEDGFKECNLNDTRYVNRFLCQFVADHILLTGKGKRRVFASNGQITNLLRGFWGLRKVRAENDRHHALDAVVVACSTVAMQQKITRFVRYKEMNAFDGKTIDKETGKVLHQKTHFPQPWEFFAQEVMIRVFGKPDGKPEFEEADTPEKLRTLLAEKLSSRPEAVHEYVTPLFVSRAPNRKMSGAHKDTLRSAKRFVKHNEKISVKRVWLTEIKLADLENMVNYKNGREIELYEALKARLEAYGGNAKQAFDPKDNPFYKKGGQLVKAVRVEKTQESGVLLNKKNAYTIADNGDMVRVDVFCKVDKKGKNQYFIVPIYAWQVAENILPDIDCKGYRIDDSYTFCFSLHKYDLIAFQKDEKSKVEFAYYINCDSSNGRFYLAWHDKGSKEQQFRISTQNLVLIQKYQVNELGKEIRPCRLKKRPPVR | 9,001 | N611A | H588A | D16A |
| PpnCas9 | 肺パスツレラ菌 (Pasteurella pneumotropica) | MQNNPLNYILGLDLGIASIGWAVVEIDEESSPIRLIDVGVRTFERAEVAKTGESLALSRRLARSSRRLIKRRAERLKKAKRLLKAEKILHSIDEKLPINVWQLRVKGLKEKLERQEWAAVLLHLSKHRGYLSQRKNEGKSDNKELGALLSGIASNHQMLQSSEYRTPAEIAVKKFQVEEGHIRNQRGSYTHTFSRLDLLAEMELLFQRQAELGNSYTSTTLLENLTALLMWQKPALAGDAILKMLGKCTFEPSEYKAAKNSYSAERFVWLTKLNNLRILENGTERALNDNERFALLEQPYEKSKLTYAQVRAMLALSDNAIFKGVRYLGEDKKTVESKTTLIEMKFYHQIRKTLGSAELKKEWNELKGNSDLLDEIGTAFSLYKTDDDICRYLEGKLPERVLNALLENLNFDKFIQLSLKALHQILPLMLQGGRYDEAVSAIYGDHYGKKSTETTRLLPTIPADEIRNPVVLRTLTQARKVINAVVRLYGSPARIHIETAREVGKSYQDRKKLEKQQEDNRKQRESAVKKFKEMFPHFVGEPKGKDILKMRLYELQQAKCLYSGKSLELHRLLEKGYVEVDHALPFSRTWDDSFNNKVLVLANENQNKGNLTPYEWLDGKNNSERWQHFVV | 9,002 | N605A | H582A | D13A |

【０３９９】

【表８－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | RVQTSGFSYAKKQRILNHKLDEKGFIERNLNDTRYVARFLCNFIADNMLLVG KGKRNVFASNGQITALLRHRWGLQKVREQNDRHHALDAVVVACSTVAMQ QKITRFVRYNEGNVFSGERIDRETGEIIPLHFPSPWAFFKENVEIRIFSENPKLE LENRLPDYPQYNHEWVQPLFVSRMPTRKMTGQGHMETVKSAKRLNEGLS VLKVPLTQLKLSDLERMVNRDREIALYESLKARLEQFGNDPAKAFAEPFYKKG GALVKAVRLEQTQKSGVLVRDGNGVADNASMVRVDVFTKGGKYFLVPIYT WQVAKGILPNRAATQGKDENDWDIMDEMATFQFSLCQNDLIKLVTKKKTI FGYFNGLNRATSNINIKEHDLDKSKGKLGIYLEVGVKLAISLEKYQVDELGKNI RPCRPTKRQHVR | | | | |
| SauCas9 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRELINDTLYSTRKDDKGNTLIVN NLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPL YKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVKL SLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQA EFIASFYNNDLIKINGELYRVIGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPP RIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,003 | N580A | H557A | D10A |
| SauCas9-KKH | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,004 | N580A | H557A | D10A |
| SauriCas9 | スタフィロコッカス・アウリクラリス (Staphylococcus auricularis) | MQENQQKQNYILGLDIGITSVGYGLIDSKTREVIDAGVRLFPEADSENNSNR RSKRGARRLKRRRIHRLNRVKDLLADYQMIDLNNVPKSTDPYTIRVKGLREPL TKEEFAIALLHIAKRRGLHNISVSMGDEEQDNELSTKQQLQKNAQQLQDKY VCELQLERLTNINKVRGEKNRFKTEDFVKEVKQLCETQRQYHNIDDQFIQQY IDLVSTRREYFEGPGNGSPYGWDGDLLKWYEKLMGRCTYFPEELRSVKYAYS ADLFNALNDLNNLVVTRDDNPKLEYYEKYHIIENVFKQKKNPTLKQIAKEIGV QDYDIRGYRITKSGKPQFTSFKLYHDLKNIFEQAKYLEDVEMLDEIAKILTIYQ DEISIKKALDQLPELLTESEKSQIAQLTGYTGTHRLSLKCIHIVIDELWESPENQ MEIFTRLNLKPKKVEMSEIDSIPTTLVDEFILSPVVKRAFIQSIKVINAVINRFGL | | | | |

【０４００】

【表８－３】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | PEDIIIELAREKNSKDRRKFINKLQKQNEATRKKIEQLLAKYGNTNAKYMIEKI<br>KLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLSNPTHYEVDHIIPRSVSFDNSLNNKVLVKQ<br>SENSKKGNRTPYQYLSSNESKISYNQFKQHILNLSKAKDRISKKKRDMLLEER<br>DINKFEVQKEFINRNLVDTRYATRELSNLLKTYFSTHDYAVKVKTINGGFTNH<br>LRKVWDFKKHRNHGYKHHAEDALVIANADFLFKTHKALRRTDKILEQPGLE<br>VNDTTVKVDTEEKYQELFETPKQVKNIKQFRDFKYSHRVDKKPNRQLINDTL<br>YSTREIDGETYVVQTLKDLYAKDNEKVKKLFTERPQKILMYQHDPKTFEKLM<br>TILNQYAEAKNPLAAYYEDKGEYVTKYAKKGNGPAIHKIKYIDKKLGSYLDVS<br>NKYPETQNKLVKLSLKSFRFDIYKCEQGYKMVSIGYLDVLKKDNYYYIPKDKYE<br>AEKQKKKIKESDLFVGSFYYNDLIMYEDELFRVIGVNSDINNLVELNMVDITY<br>KDFCEVNNVTGEKRIKKTIGKRVVLIEKYTTDILGNLYKTPLPKKPQLIFKRGEL | | | | |
| SauriCas9-KKH | スタフィロコッカス・アウリクラリス<br>(Staphylococcus auricularis) | MQENQQKQNYILGLDIGITSVGYGLIDSKTREVIDAGVRLFPEADSENNSNR<br>RSKRGARRLKRRRIHRLNRVKDLLADYQMIDLNNVPKSTDPYTIRVKGLREPL<br>TKEEFAIALLHIAKRRGLHNISVSMGDEEQDNELSTKQQLQKNAQQLQDKY<br>VCELQLERLTNINKVRGEKNRFKTEDFVKEVKQLCETQRQYHNIDDQFIQQY<br>IDLVSTRREYFEGPGNGSPYGWDGDLLKWYEKLMGRCTYFPEELRSVKYAYS<br>ADLFNALNDLNNLVVTRDDNPKLEYYEKYHIIENVFKQKKNPTLKQIAKEIGV<br>QDYDIRGYRITKSGKPQFTSFKLYHDLKNIFEQAKYLEDVEMLDEIAKILTIYQ<br>DEISIKKALDQLPELLTESEKSQIAQLTGYTGTHRLSLKCIHIVIDELWESPENQ<br>MEIFTRLNLKPKKVEMSEIDSIPTTLVDEFILSPVVKRAFIQSIKVINAVINRFGL<br>PEDIIIELAREKNSKDRRKFINKLQKQNEATRKKIEQLLAKYGNTNAKYMIEKI<br>KLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLSNPTHYEVDHIIPRSVSFDNSLNNKVLVKQ<br>SENSKKGNRTPYQYLSSNESKISYNQFKQHILNLSKAKDRISKKKRDMLLEER<br>DINKFEVQKEFINRNLVDTRYATRELSNLLKTYFSTHDYAVKVKTINGGFTNH<br>LRKVWDFKKHRNHGYKHHAEDALVIANADFLFKTHKALRRTDKILEQPGLE<br>VNDTTVKVDTEEKYQELFETPKQVKNIKQFRDFKYSHRVDKKPNRKLINDTL<br>YSTREIDGETYVVQTLKDLYAKDNEKVKKLFTERPQKILMYQHDPKTFEKLM<br>TILNQYAEAKNPLAAYYEDKGEYVTKYAKKGNGPAIHKIKYIDKKLGSYLDVS<br>NKYPETQNKLVKLSLKSFRFDIYKCEQGYKMVSIGYLDVLKKDNYYYIPKDKYE<br>AEKQKKKIKESDLFVGSFYKNDLIMYEDELFRVIGVNSDINNLVELNMVDITY<br>KDFCEVNNVTGEKHIKKTIGKRVVLIEKYTTDILGNLYKTPLPKKPQLIFKRGEL | 9,006 | N588A | H565A | D15A |
| ScaCas9-Sc++ | ストレプトコッカス・カニス<br>(Streptococcus canis) | MEKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALL<br>FDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIRYLQEIFANEMAKLDDSFFQRLEESF<br>LVEEDKKNERHPIFGNLADEVAYHRNYPTIYHLRKKLADSPEKADLRLIYLALA<br>HIIKFRGHFLIEGKLNAENSDVAKLFYQLIQTYNQLFEESPLDEIEVDAKGILSA<br>RLSKSKRLEKLIAVFPNEKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNFDLTEDAKLQLSKD<br>TYDDDLDELLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILRSNSEVTKAPLSASMV<br>KRYDEHHQDLALLKTLVRQQFPEKYAEIFKDDTKNGYAGYVGADKKLRKRS<br>GKLATEEEFYKFIKPILEKMDGAEELLAKLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLK<br>ELHAILRRQEEFYPFLKENREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWLTRKSEEA<br>ITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSLLYEYFTVYNEL<br>TKVKYVTERMRKPEFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS<br>VEIIGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE<br>ERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRHYTGWGRLSRKMINGIRDKQSGKTILDFLKS<br>DGFSNRNFMQLIHDDSLTFKEEIEKAQVSGQGDSLHEQIADLAGSPAIKKGIL<br>QTVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTTKGLQQSRERKKRIEEGIKELE<br>SQILKENPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVP<br>QSFIKDDSIDNKVLTRSVENRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQ<br>RKFDNLTKAERGGLSEADKAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKN<br>DKPIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQLYKVRDINNYHHAHDAYLNAVVGTALIK<br>KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKRFFYSNIMNFFKTEVKL<br>ANGEIRKRPLIETNGETGEVVWNKEKDFATVRKVLAMPQVNIVKKTEVQTG<br>GFSKESILSKRESAKLIPRKKGWDTRKYGGFGSPTVAYSILVVAKVEKGKAKKL<br>KSVKVLVGITIMEKGSYEKDPIGFLEAKGYKDIKKELIFKLPKYSLFELENGRRR<br>MLASAKELQKANELVLPQHLVRLLYYTQNISATTGSNNLGYIEQHREEFKEIF<br>EKIIDFSEKYILKNKVNSNLKSSFDEQFAVSDSILLSNSFVSLLKYTSFGASGGFT<br>FLDLDVKQGRLRYQTVTEVLDATLIYQSITGLYETRTDLSQLGGD | 9,007 | N872A | H849A | D10A |

【０４０１】

【表８－４】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA GELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF KYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,008 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-NG | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES IRPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA RFLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPRAF KYFDTTIDRKVYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,009 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-SpRY | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAERTRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF | 9,010 | N863A | H840A | D10A |

【０４０２】

【表８－５】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ<br>EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV<br>VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ<br>ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>IRPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFLWPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>AKQLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE<br>IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTRLGAPRAF<br>KYFDTTIDPKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| St1Cas9 | ストレプトコッカス・サーモフィラス<br>(Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG<br>RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI<br>ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER<br>YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF<br>INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF<br>RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK<br>LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL<br>DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW<br>HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY<br>NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN<br>KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT<br>GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ<br>ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV<br>DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH<br>HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVFK<br>APYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKADE<br>TYVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPN<br>KQINEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLGNHIDIT<br>PKDSNNKVVLQSVSPWRADVYFNKTTGKYEILGLKYADLQFEKGTGTYKISQ<br>EKYNDIKKKEGVDSDSEFKFTLYKNDLLLVKDTETKEQQLFRFLSRTMPKQKH<br>YVELKPYDKQKFEGGEALIKVLGNVANSGQCKKGLGKSNISIYKVRTDVLGN<br>QHIIKNEGDKPKLDF | 9,011 | N622A | H599A | D9A |
| BlatCas9 | ブレビバチルス・ラテロスポルス<br>(Brevibacillus laterosporus) | MAYTMGIDVGIASCGWAIVDLERQRIIDIGVRTFEKAENPKNGEALAVPRRE<br>ARSSRRRLRRKKHRIERLKHMFVRNGLAVDIQHLEQTLRSQNEIDVWQLRV<br>DGLDRMLTQKEWLRVLIHLAQRRGFQSNRKTDGSSEDGQVLVNVTENDRL<br>MEEKDYRTVAEMMVKDEKFSDHKRNKNGNYHGVVSRSSLLVEIHTLFETQ<br>RQHHNSLASKDFELEYVNIWSAQRPVATKDQIEKMIGTCTFLPKEKRAPKAS<br>WHFQYFMLLQTINHIRITNVQGTRSLNKEEIEQVVNMALTKSKVSYHDTRKI<br>LDLSEEYQFVGLDYGKEDEKKKVESKETIIKLDDYHKLNKIFNEVELAKGETWE<br>ADDYDTVAYALTFFKDDEDIRDYLQNKYKDSKNRLVKNLANKEYTNELIGKV<br>STLSFRKVGHLSLKALRKIIPFLEQGMTYDKACQAAGFDFQGISKKKRSVVLP<br>VIDQISNPVVNRALTQTRKVINALIKKYGSPETIHIETARELSKTFDERKNITKD<br>YKENRDKNEHAKKHLSELGIINPTGLDIVKYKLWCEQQGRCMYSNQPISFER<br>LKESGYTEVDHIIPYSRSMNDSYNNRVLVMTRENREKGNQTPFEYMGNDT<br>QRWYEFEQRVTTNPQIKKEKRQNLLLKGFTNRRELEMLERNLNDTRYITKYL<br>SHFISTNLEFSPSDKKKKVVNTSGRITSHLRSRWGLEKNRGQNDLHHAMDAI<br>VIAVTSDSFIQQVTNYYKRKERRELNGDDKFPLPWKFFREEVIARLSPNPKEQ<br>IEALPNHFYSEDELADLQPIFVSRMPKRSITGEAHQAQFRRVVGKTKEGKNIT<br>AKKTALVDISYDKNGDFNMYGRETDPATYEAIKERYLEFGGNVKKAFSTDLH<br>KPKKDGTKGPLIKSVRIMENKTLVHPVNKGKGVVYNSSIVRTDVFQRKEKYY | 9,012 | N607A | H584A | D8A |

【０４０３】

【表８－６】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | LLPVYVTDVTKGKLPNKVIVAKKGYHDWIEVDDSFTFLFSLYPNDLIFIRQNPK KKISLKKRIESHSISDSKEVQEIHAYYKGVDSSTAAIEFIIHDGSYYAKGVGVQN LDCFEKYQVDILGNYFKVKGEKRLELETSDSNHKGKDVNSIKSTSR | | | | |
| cCas9-v16 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNSDKNNLIEVNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,013 | N580A | H557A | D10A |
| cCas9-v17 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNSTRNIVELNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,014 | N580A | H557A | D10A |
| cCas9-v21 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV | 9,015 | N580A | H557A | D10A |

【０４０４】

【表８－７】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNSDDRNIIELNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | | | | |
| cCas9-v42 | 黄色ブドウ球菌 (Staphylococcus aureus) | MKRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGA RRLKRRRRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSA ALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKK DGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYE GPGEGSPFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLN NLVITRDENEKLEYYEKFQIIENVFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTST GKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSE LTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRLKLVPKKV DLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSK DAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYS LEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKKGNRTPFQ YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNL VDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQ EYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRKLINDTLYSTRKDDKGNTLIV NNLNGLYDKDNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNP LYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVK LSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQ AEFIASFYKNDLIKINGELYRVIGVNNNRLNKIELNMIDITYREYLENMNDKRP PHIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKKG | 9,016 | N580A | H557A | D10A |
| CdiCas9 | ジフテリア菌 (Corynebacterium diphtheriae) | MKYHVGIDVGTFSVGLAAIEVDDAGMPIKTLSLVSHIHDSGLDPDEIKSAVT RLASSGIARRTRRLYRRKRRRLQQLDKFIQRQGWPVIELEDYSDPLYPWKVR AELAASYIADEKERGEKLSVALRHIARHRGWRNPYAKVSSLYLPDGPSDAFK AIREEIKRASGQPVPETATVGQMVTLCELGTLKLRGEGGVLSARLQQSDYAR EIQEICRMQEIGQELYRKIIDVVFAAESPKGSASSRVGKDPLQPGKNRALKAS DAFQRYRIAALIGNLRVRVDGEKRILSVEEKNLVFDHLVNLTPKKEPEWVTIA EILGIDRGQLIGTATMTDDGERAGARPPTHDTNRSIVNSRIAPLVDWWKTA SALEQHAMVKALSNAEVDDFDSPEGAKVQAFFADLDDDVHAKLDSLHLPV GRAAYSEDTLVRLTRRMLSDGVDLYTARLQEFGIEPSWTPPTPRIGEPVGNP AVDRVLKTVSRWLESATKTWGAPERVIIEHVREGFVTEKRAREMDGDMRR RAARNAKLFQEMQEKLNVQGKPSRADLWRYQSVQRQNCQCAYCGSPITF SNSEMDHIVPRAGQGSTNTRENLVAVCHRCNQSKGNTPFAIWAKNTSIEG VSVKEAVERTRHWVTDTGMRSTDFKKFTKAVVERFQRATMDEEIDARSME SVAWMANELRSRVAQHFASHGTTVRVYRGSLTAEARRASGISGKLKFFDGV GKSRLDRRHHAIDAAVIAFTSDYVAETLAVRSNLKQSQAHRQEAPQWREFT GKDAEHRAAWRVWCQKMEKLSALLTEDLRDDRVVVMSNVRLRLGNGSA HKETIGKLSKVKLSSQLSVSDIDKASSEALWCALTREPGFDPKEGLPANPERHI RVNGTHVYAGDNIGLFPVSAGSIALRGGYAELGSSFHHARVYKITSGKKPAF AMLRVYTIDLLPYRNQDLFSVELKPQTMSMRQAEKKLRDALATGNAEYLG WLVVDDELVVDTSKIATDQVKAVEAELGTIRRWRVDGFFSPSKLRLRPLQM SKEGIKKESAPELSKIIDRPGWLPAVNKLFSDGNVTVVRRDSLGRVRLESTAH LPVTWKVQ | 9,017 | N597A | H573A | D8A |
| CjeCas9 | カンピロバクター・ジェジュニ (Campylobacter jejuni) | MARILAFDIGISSIGWAFSENDELKDCGVRIFTKVENPKTGESLALPRRLARSA RKRLARRKARLNHLKHLIANEFKLNYEDYQSFDESLAKAYKGSLISPYELRFRA LNELLSKQDFARVILHIAKRRGYDDIKNSDDKEKGAILKAIKQNEEKLANYQS VGEYLYKEYFQKFKENSKEFTNVRNKKESYERCIAQSFLKDELKLIFKKQREFG FSFSKKFEEEVLSVAFYKRALKDFSHLVGNCSFFTDEKRAPKNSPLAFMFVAL TRIINLLNNLKNTEGILYTKDDLNALLNEVLKNGTLTYKQTKKLLGLSDDYEFK GEKGTYFIEFKKYKEFIKALGEHNLSQDDLNEIAKDITLIKDEIKLKKALAKYDLN QNQIDSLSKLEFKDHLNISFKALKLVTPLMLEGKKYDEACNELNLKVAINEDK KDFLPAFNETYYKDEVTNPVVLRAIKEYRKVLNALLKKYGKVHKINIELAREVG KNHSQRAKIEKEQNENYKAKKDAELECEKLGLKINSKNILKLRLFKEQKEFCAY SGEKIKISDLQDEKMLEIDHIYPYSRSFDDSYMNKVLVFTKQNQEKLNQTPFE | | | | |

【０４０５】

【表８－８】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | AFGNDSAKWQKIEVLAKNLPTKKQKRILDKNYKDKEQKNFKDRNLNDTRYI ARLVLNYTKDYLDFLPLSDDENTKLNDTQKGSKVHVEAKSGMLTSALRHTW GFSAKDRNNHLHHAIDAVIIAYANNSIVKAFSDFKKEQESNSAELYAKKISELD YKNKRKFFEPFSGFRQKVLDKIDEIFVSKPERKKPSGALHEETFRKEEEFYQSY GGKEGVLKALELGKIRKVNGKIVKNGDMFRVDIFKHKKTNKFYAVPIYTMDF ALKVLPNKAVARSKKGEIKDWILMDENYEFCFSLYKDSLILIQTKDMQEPEFV YYNAFTSSTVSLIVSKHDNKFETLSKNQKILFKNANEKEVIAKSIGIQNLKVFEK YIVSALGEVTKAEFRQREDFKK | | | | |
| GeoCas9 | ゲオバチルス・ステアロサーモフィラス (Geobacillus stearothermophilus) | MRYKIGLDIGITSVGWAVMNLDIPRIEDLGVRIFDRAENPQTGESLALPRRLA RSARRRLRRRKHRLERIRRLVIREGILTKEELDKLFEEKHEIDVWQLRVEALDR KLNNDELARVLLHLAKRRGFKSNRKSERSNKENSTMLKHIEENRAILSSYRTV GEMIVKDPKFALHKRNKGENYTNTIARDDLEREIRLIFSKQREFGNMSCTEEF ENEYITIWASQRPVASKDDIEKKVGFCTFEPKEKRAPKATYTFQSFIAWEHIN KLRLISPSGARGLTDEERRLLYEQAFQKNKITYHDIRTLLHLPDDTYFKGIVYDR GESRKQNENIRFLELDAYHQIRKAVDKVYGKGKSSSFLPIDFDTFGYALTLFKD DADIHSYLRNEYEQNGKRMPNLANKVYDNELIEELLNLSFTKFGHLSLKALRS ILPYMEQGEVYSSACERAGYTFTGPKKKQKTMLLPNIPPIANPVVMRALTQA RKVVNAIIKKYGSPVSIHIELARDLSQTFDERRKTKKEQDENRKKNETAIRQL MEYGLTLNPTGHDIVKFKLWSEQNGRCAYSLQPIEIERLLEPGYVEVDHVIPY SRSLDDSYTNKVLVLTRENREKGNRIPAEYLGVGTERWQQFETFVLTNKQFS KKKRDRLLRLHYDENEETEFKNRNLNDTRYISRFFANFIREHLKFAESDDKQK VYTVNGRVTAHLRSRWEFNKNREESDLHHAVDAVIVACTTPSDIAKVTAFY QRREQNKELAKKTEPHFPQPWPHFADELRARLSKHPKESIKALNLGNYDDQ KLESLQPVFVSRMPKRSVTGAAHQETLRRYVGIDERSGKIQTVVKTKLSEIKL DASGHFPMYGKESDPRTYEAIRQRLLEHNNDPKKAFQEPLYKPKKNGEPGP VIRTVKIIDTKNQVIPLNDGKTVAYNSNIVRVDVFEKDGKYYCVPVYTMDIM KGILPNKAIEPNKPYSEWKEMTEDYTFRFSLYPNDLIRIELPREKTVKTAAGEE INVKDVFVYYKTIDSANGGLELISHDHRFSLRGVGSRTLKRFEKYQVDVLGNI YKVRGEKRVGLASSAHSKPGKTIRPLQSTRD | 9,019 | N605A | H582A | D8A |
| iSpyMacCas9 | 連鎖球菌 (Streptococcus spp.) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRKLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEIQTVGQNGG LFDDNPKSPLEVTPSKLVPLKKELNPKKYGGYQKPTTAYPVLLITDTKQLIPISV MNKKQFEQNPVKFLRDRGYQQVGKNDFIKLPKYTLVDIGDGIKRLWASSKEI HKGNQLVVSKKSQILLYHAHHLDSDLSNDYLQNHNQQFDVLFNEIISFSKKC KLGKEHIQKIENVYSNKKNSASIEELAESFIKLLGFTQLGATSPFNFLGVKLNQ KQYKGKKDYILPCTEGTLIRQSITGLYETRVDLSKIGEDSGGSGGSKRTADGSE FES | 9,020 | N863A | H840A | D10A |
| NmeCas9 | 髄膜炎菌 (Neisseria meningitidis) | MAAFKPNSINYILGLDIGIASVGWAMVEIDEEENPIRLIDLGVRVFERAEVPK TGDSLAMARRLARSVRRLTRRRAHRLLRTRRLLKREGVLQAANFDENGLIKS | 9,021 | N611A | H588A | D16A |

【０４０６】

【表８－９】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | LPNTPWQLRAAALDRKLTPLEWSAVLLHLIKHRGYLSQRKNEGETADKELG<br>ALLKGVAGNAHALQTGDFRTPAELALNKFEKESGHIRNQRSDYSHTFSRKDL<br>QAELILLFEKQKEFGNPHVSGGLKEGIETLLMTQRPALSGDAVQKMLGHCTF<br>EPAEPKAAKNTYTAERFIWLTKLNNLRILEQGSERPLTDTERATLMDEPYRKS<br>KLTYAQARKLLGLEDTAFFKGLRYGKDNAEASTLMEMKAYHAISRALEKEGL<br>KDKKSPLNLSPELQDEIGTAFSLFKTDEDITGRLKDRIQPEILEALLKHISFDKFV<br>QISLKALRRIVPLMEQGKRYDEACAEIYGDHYGKKNTEEKIYLPPIPADEIRNP<br>VVLRALSQARKVINGVVRRYGSPARIHIETARAEVGKSFKDRKEIEKRQEENRK<br>DREKAAAKFREYFPNFVGEPKSKDILKLRLYEQQHGKCLYSGKEINLGRLNEK<br>GYVEIDHALPFSRTWDDSFNNKVLVLGSENQNKGNQTPYEYFNGKDNSRE<br>WQEFKARVETSRFPRSKKQRILLQKFDEDGFKERNLNDTRYVNRFLCQFVA<br>DRMRLTGKGKKRVFASNGQITNLLRGFWGLRKVRAENDRHHALDAVVVA<br>CSTVAMQQKITRFVRYKEMNAFDGKTIDKETGEVLHQKTHFPQPWEFFAQ<br>EVMIRVFGKPDGKPEFEEADTLEKLRTLLAEKLSSRPEAVHEYVTPLFVSRAP<br>NRKMSGQGHMETVKSAKRLDEGVSVLRVPLTQLKLKDLEKMVNREREPKL<br>YEALKARLEAHKDDPAKAFAEPFYKYDKAGNRTQQVKAVRVEQVQKTGVW<br>VRNHNGIADNATMVRVDVFEKGDKYYLVPIYSWQVAKGILPDRAVVQGKD<br>EEDWQLIDDSFNFKFSLHPNDLVEVITKKARMFGYFASCHRGTGNINIRIHD<br>LDHKIGKNGILEGIGVKTALSFQKYQIDELGKEIRPCRLKKRPPVR | | | | |
| ScaCas9 | ストレプトコッカス・カニス (Streptococcus canis) | MEKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALL<br>FDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIRYLQEIFANEMAKLDDSFFQRLEESF<br>LVEEDKKNERHPIFGNLADEVAYHRNYPTIYHLRKKLADSPEKADLRLIYLALA<br>HIIKFRGHFLIEGKLNAENSDVAKLFYQLIQTYNQLFEESPLDEIEVDAKGILSA<br>RLSKSKRLEKLIAVFPNEKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNFDLTEDAKLQLSKD<br>TYDDDLDELLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILRSNSEVTKAPLSASMV<br>KRYDEHHQDLALLKTLVRQQLPEKYAEIFKDDTKNGYAGYVGIGIKHRKRTT<br>KLATQEEFYKFIKPILEKMDGAEELLAKLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLKE<br>LHAILRRQEEFYPFLKENREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWLTRKSEEAI<br>TPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSLLYEYFTVYNELT<br>KVKYVTERMRKPEFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSV<br>EIIGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEE<br>RLKTYAHLFDDKVMKQLKRRHYTGWGRLSRKMINGIRDKQSGKTILDFLKS<br>DGFSNRNFMQLIHDDSLTFKEEIEKAQVSGQGDSLHEQIADLAGSPAIKKGIL<br>QTVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTTKGLQQSRERKKRIEEGIKELE<br>SQILKENPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVP<br>QSFIKDDSIDNKVLTRSVENRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQ<br>RKFDNLTKAERGGLSEADKAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKN<br>DKPIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQLYKVRDINNYHHAHDAYLNAVVGTALIK<br>KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKRFFYSNIMNFFKTEVKL<br>ANGEIRKRPLIETNGETGEVVWNKEKDFATVRKVLAMPQVNIVKKTEVQTG<br>GFSKESILSKRESAKLIPRKKGWDTRKYGGFGSPTVAYSILVVAKVEKGKAKKL<br>KSVKVLVGITIMEKGSYEKDPIGFLEAKGYKDIKKELIFKLPKYSLFELENGRRR<br>MLASATELQKANELVLPQHLVRLLYYTQNISATTGSNNLGYIEQHREEFKEIF<br>EKIIDFSEKYILKNKVNSNLKSSFDEQFAVSDSILLSNSFVSLLKYTSFGASGGFT<br>FLDLDVKQGRLRYQTVTEVLDATLIYQSITGLYETRTDLSQLGGD | 9,022 | N872A | H849A | D10A |
| ScaCas9-HiFi-Sc++ | ストレプトコッカス・カニス (Streptococcus canis) | MEKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALL<br>FDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRIRYLQEIFANEMAKLDDSFFQRLEESF<br>LVEEDKKNERHPIFGNLADEVAYHRNYPTIYHLRKKLADSPEKADLRLIYLALA<br>HIIKFRGHFLIEGKLNAENSDVAKLFYQLIQTYNQLFEESPLDEIEVDAKGILSA<br>RLSKSKRLEKLIAVFPNEKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNFDLTEDAKLQLSKD<br>TYDDDLDELLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILRSNSEVTKAPLSASMV<br>KRYDEHHQDLALLKTLVRQQLPEKYAEIFKDDTKNGYAGYVGADKKLRKRS<br>GKLATEEEFYKFIKPILEKMDGAEELLAKLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLK<br>ELHAILRRQEEFYPFLKENREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWLTRKSEEA<br>ITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSLLYEYFTVYNEL<br>TKVKYVTERMRKPEFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS<br>VEIIGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE<br>ERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRHYTGWGRLSRKMINGIRDKQSGKTILDFLKS<br>DGFSNANFMQLIHDDSLTFKEEIEKAQVSGQGDSLHEQIADLAGSPAIKKGIL | 9,023 | N872A | H849A | D10A |

【０４０７】

【表８－１０】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | QTVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTTKGLQQSRERKKRIEEGIKELE<br>SQILKENPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVP<br>QSFIKDDSIDNKVLTRSVENRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQ<br>RKFDNLTKAERGGLSEADKAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKN<br>DKPIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQLYKVRDINNYHHAHDAYLNAVVGTALIK<br>KYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKRFFYSNIMNFFKTEVKL<br>ANGEIRKRPLIETNGETGEVVWNKEKDFATVRKVLAMPQVNIVKKTEVQTG<br>GFSKESILSKRESAKLIPRKKGWDTRKYGGFGSPTVAYSILVVAKVEKGKAKKL<br>KSVKVLVGITIMEKGSYEKDPIGFLEAKGYKDIKKELIFKLPKYSLFELENGRRR<br>MLASAKELQKANELVLPQHLVRLLYYTQNISATTGSNNLGYIEQHREEFKEIF<br>EKIIDFSEKYILKNKVNSNLKSSFDEQFAVSDSILLSNSFVSLLKYTSFGASGGFT<br>FLDLDVKQGRLRYQTVTEVLDATLIYQSITGLYETRTDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-3var-NRRH | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MVKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEE<br>FYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQ<br>GDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRLRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN<br>FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKGNSDKLIARKKDWDPKKYGGFNSPTAAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIGFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>AGVLHKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE<br>IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGVPAA<br>FKYFDTTIDKKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,024 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-3var-NRTH | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MVKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEE<br>FYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQ<br>GDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRLRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN<br>FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES | 9,025 | N863A | H840A | D10A |

【０４０８】

【表８－１１】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | ILPKGNSDKLIARKKDWDPKKYGGFNSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIGFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>ASVLHKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSSEDNKQKQLFVEQHKHYLDEI<br>IEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGASAAF<br>KYFDTTIGRKLYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-3var-NRCH | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MVKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEE<br>FYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQ<br>GDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRLRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN<br>FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKGNSDKLIARKKDWDPKKYGGFNSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK<br>ELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS<br>AGVLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE<br>IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTINRKQYNTTKEVLDATLIRQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,026 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-HF1 | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF<br>YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ<br>EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV<br>VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ<br>ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>GELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF<br>KYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,027 | N863A | H840A | D10A |

【０４０９】

【表８－１２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9-QQR1 | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS AGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF KYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,028 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-SpG | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFLWPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVK ELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLAS AKQLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDE IIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA FKYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,029 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-VQR | 化膿性レンサ球菌 (Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF | 9,030 | N863A | H840A | D10A |

【０４１０】

【表８－１３】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ<br>EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV<br>VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ<br>ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>GELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF<br>KYFDTTIDRKQYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-VRER | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF<br>YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ<br>EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFE<br>EVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKV<br>VDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQ<br>ILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>RELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF<br>KYFDTTIDRKEYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,031 | N863A | H840A | D10A |
| SpyCas9-xCas | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDTKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MIKLYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF<br>YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQE<br>DFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEK<br>VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGDQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFIQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV | 9,032 | N863A | H840A | D10A |

【０４１１】

【表８－１４】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | DELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>GVLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAF<br>KYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | | | | |
| SpyCas9-xCas-NG | 化膿性レンサ球菌<br>(Streptococcus pyogenes) | MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLF<br>DSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFL<br>VEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAH<br>MIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDTKLQLS<br>KDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSAS<br>MIKLYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEF<br>YKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGIIPHQIHLGELHAILRRQE<br>DFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEK<br>VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTE<br>GMRKPAFLSGDQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVED<br>RFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYA<br>HLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANR<br>NFIQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVV<br>DELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQI<br>LKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSF<br>LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKF<br>DNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLI<br>REVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPK<br>LESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEI<br>RKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>IRPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFVSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKE<br>LLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASA<br>RFLQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII<br>EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPRAF<br>KYFDTTIDRKVYRSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD | 9,033 | N863A | H840A | D10A |
| St1Cas9-CNRZ1066 | ストレプトコッカス・サーモフィラス<br>(Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG<br>RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI<br>ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER<br>YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF<br>INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF<br>RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK<br>LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL<br>DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW<br>HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY<br>NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN<br>KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT<br>GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ<br>ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV<br>DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH<br>HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEEQLLDIETGELISDDEYKESVFKA<br>PYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKKDET<br>YVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPNK<br>QMNEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLLGNPIDI<br>TPENSKNKVVLQSLKPWRTDVYFNKATGKYEILGLKYADLQFEKGTGTYKIS<br>QEKYNDIKKKEGVDSDSEFKFTLYKNDLLLVKDTETKEQQLFRFLSRTLPKQK | 9,034 | N622A | H599A | D9A |

【０４１２】

【表８－１５】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | HYVELKPYDKQKFEGGEALIKVLGNVANGGQCIKGLAKSNISIYKVRTDVLG NQHIIKNEGDKPKLDF | | | | |
| St1Cas9-LMG1831 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEEQLLDIETGELISDDEYKESVFKA PYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKKDET YVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPNK QMNEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLLGNPIDI TPENSKNKVVLQSLKPWRTDVYFNKNTGKYEILGLKYADLQFEKKTGTYKISQ EKYNGIMKEEGVDSDSEFKFTLYKNDLLLVKDTETKEQQLFRFLSRTMPNVK YYVELKPYSKDKFEKNESLIEILGSADKSGRCIKGLGKSNISIYKVRTDVLGNQH IIKNEGDKPKLDF | 9,035 | N622A | H599A | D9A |
| St1Cas9-MTH17CL396 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVFK APYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKADE TYVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPN KQINEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLGNHIDIT PKDSNNKVVLQSLKPWRTDVYFNKNTGKYEILGLKYSDMQFEKGTGKYSISK EQYENIKVREGVDENSEFKFTLYKNDLLLKDSENGEQILLRFTSRNDTSKHYV ELKPYNRQKFEGSEYLIKSLGTVAKGGQCIKGLGKSNISIYKVRTDVLGNQHII KNEGDKPKLDF | 9,036 | N622A | H599A | D9A |
| St1Cas9-TH1477 | ストレプトコッカス・サーモフィラス (Streptococcus thermophilus) | MSDLVLGLDIGIGSVGVGILNKVTGEIIHKNSRIFPAAQAENNLVRRTNRQG RRLARRKKHRRVRLNRLFEESGLITDFTKISINLNPYQLRVKGLTDELSNEELFI ALKNMVKHRGISYLDDASDDGNSSVGDYAQIVKENSKQLETKTPGQIQLER YQTYGQLRGDFTVEKDGKKHRLINVFPTSAYRSEALRILQTQQEFNPQITDEF INRYLEILTGKRKYYHGPGNEKSRTDYGRYRTSGETLDNIFGILIGKCTFYPDEF RAAKASYTAQEFNLLNDLNNLTVPTETKKLSKEQKNQIINYVKNEKAMGPAK LFKYIAKLLSCDVADIKGYRIDKSGKAEIHTFEAYRKMKTLETLDIEQMDRETL DKLAYVLTLNTEREGIQEALEHEFADGSFSQKQVDELVQFRKANSSIFGKGW HNFSVKLMMELIPELYETSEEQMTILTRLGKQKTTSSSNKTKYIDEKLLTEEIY NPVVAKSVRQAIKIVNAAIKEYGDFDNIVIEMARETNEDDEKKAIQKIQKAN KDEKDAAMLKAANQYNGKAELPHSVFHGHKQLATKIRLWHQQGERCLYT GKTISIHDLINNSNQFEVDHILPLSITFDDSLANKVLVYATANQEKGQRTPYQ | 9,037 | N622A | H599A | D9A |

【０４１３】

【表８－１６】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | ALDSMDDAWSFRELKAFVRESKTLSNKKKEYLLTEEDISKFDVRKKFIERNLV DTRYASRVVLNALQEHFRAHKIDTKVSVVRGQFTSQLRRHWGIEKTRDTYH HHAVDALIIAASSQLNLWKKQKNTLVSYSEDQLLDIETGELISDDEYKESVFK APYQHFVDTLKSKEFEDSILFSYQVDSKFNRKISDATIYATRQAKVGKDKADE TYVLGKIKDIYTQDGYDAFMKIYKKDKSKFLMYRHDPQTFEKVIEPILENYPN KQINEKGKEVPCNPFLKYKEEHGYIRKYSKKGNGPEIKSLKYYDSKLGNHIDIT PKDSNNKVVLQSLKPWRTDVYFNKNTGKYEILGLKYSDMQFEKGTGKYSISK EQYENIKVREGVDENSEFKFTLYKNDLLLLKDSENGEQILLRFTSRNDTSKHYV ELKPYNRQKFEGSEYLIKSLGTVVKGGRCIKGLGKSNISIYKVRTDVLGNQHIIK NEGDKPKLDF | | | | |
| sRGN3.1 | スタフィロコッカス属 (Staphylococcus spp.) | MNQKFILGLDIGITSVGYGLIDYETKNIIDAGVRLFPEANVENNEGRRSKRGS RRLKRRRIHRLERVKLLLTEYDLINKEQIPTSNNPYQIRVKGLSEILSKDELAIAL LHLAKRRGIHNVDVAADKEETASDSLSTKDQINKNAKFLESRYVCELQKERLE NEGHVRGVENRFLTKDIVREAKKIIDTQMQYYPEIDETFKEKYISLVETRREYF EGPGQGSPFGWNGDLKKWYEMLMGHCTYFPQELRSVKYAYSADLFNALN DLNNLIIQRDNSEKLEYHEKYHIIENVFKQKKKPTLKQIAKEIGVNPEDIKGYRI TKSGTPEFTSFKLFHDLKKVVKDHAILDDIDLLNQIAEILTIYQDKDSIVAELGQ LEYLMSEADKQSISELTGYTGTHSLSLKCMNMIIDELWHSSMNQMEVFTYL NMRPKKYELKGYQRIPTDMIDDAILSPVVKRTFIQSINVINKVIEKYGIPEDIIIE LARENNSDDRKKFINNLQKKNEATRKRINEIIGQTGNQNAKRIVEKIRLHDQ QEGKCLYSLESIPLEDLLNNPNHYEVDHIIPRSVSFDNSYHNKVLVKQSENSK KSNLTPYQYFNSGKSKLSYNQFKQHILNLSKSQDRISKKKKEYLLEERDINKFE VQKEFINRNLVDTRYATRELTNYLKAYFSANNMNVKVKTINGSFTDYLRKV WKFKKERNHGYKHHAEDALIIANADFLFKENKKLKAVNSVLEKPEIETKQLDI QVDSEDNYSEMFIIPKQVQDIKDFRNFKYSHRVDKKPNRQLINDTLYSTRKK DNSTYIVQTIKDIYAKDNTTLKKQFDKSPEKFLMYQHDPRTFEKLEVIMKQYA NEKNPLAKYHEETGEYLTKYSKKNNGPIVKSLKYIGNKLGSHLDVTHQFKSST KKLVKLSIKNYRFDVYLTEKGYKFVTIAYLNVFKKDNYYYIPKDKYQELKEKKKI KDTDQFIASFYKNDLIKLNGDLYKIIGVNSDDRNIIELDYYDIKYKDYCEINNIK GEPRIKKTIGKKTESIEKFTTDVLGNLYLHSTEKAPQLIFKRGL | 9,038 | N585A | H562A | D10A |
| sRGN3.3 | スタフィロコッカス属 (Staphylococcus spp.) | MNQKFILGLDIGITSVGYGLIDYETKNIIDAGVRLFPEANVENNEGRRSKRGS RRLKRRRIHRLERVKLLLTEYDLINKEQIPTSNNPYQIRVKGLSEILSKDELAIAL LHLAKRRGIHNVDVAADKEETASDSLSTKDQINKNAKFLESRYVCELQKERLE NEGHVRGVENRFLTKDIVREAKKIIDTQMQYYPEIDETFKEKYISLVETRREYF EGPGQGSPFGWNGDLKKWYEMLMGHCTYFPQELRSVKYAYSADLFNALN DLNNLIIQRDNSEKLEYHEKYHIIENVFKQKKKPTLKQIAKEIGVNPEDIKGYRI TKSGTPEFTSFKLFHDLKKVVKDHAILDDIDLLNQIAEILTIYQDKDSIVAELGQ LEYLMSEADKQSISELTGYTGTHSLSLKCMNMIIDELWHSSMNQMEVFTYL NMRPKKYELKGYQRIPTDMIDDAILSPVVKRTFIQSINVINKVIEKYGIPEDIIIE LARENNSDDRKKFINNLQKKNEATRKRINEIIGQTGNQNAKRIVEKIRLHDQ QEGKCLYSLESIPLEDLLNNPNHYEVDHIIPRSVSFDNSYHNKVLVKQSENSK KSNLTPYQYFNSGKSKLSYNQFKQHILNLSKSQDRISKKKKEYLLEERDINKFE VQKEFINRNLVDTRYATRELTSYLKAYFSANNMDVKVKTINGSFTNHLRKV WRFDKYRNHGYKHHAEDALIIANADFLFKENKKLQNTNKILEKPTIENNTKK VTVEKEEDYNNVFETPKLVEDIKQYRDYKFSHRVDKKPNRQLINDTLYSTRM KDEHDYIVQTITDIYGKDNTNLKKQFNKNPEKFLMYQNDPKTFEKLSIIMKQ YSDEKNPLAKYYEETGEYLTKYSKKNNGPIVKKIKLLGNKVGNHLDVTNKYEN STKKLVKLSIKNYRFDVYLTEKGYKFVTIAYLNVFKKDNYYYIPKDKYQELKEKK KIKDTDQFIASFYKNDLIKLNGDLYKIIGVNSDDRNIIELDYYDIKYKDYCEINNI KGEPRIKKTIGKKTESIEKFTTDVLGNLYLHSTEKAPQLIFKRGL | 9,039 | N585A | H562A | D10A |

【０４１４】

一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、プロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）が、Ｃａｓタンパク質が結合及び／又は機能する対象の標的ＤＮＡ配列内に存在するか又はそれに隣接することが求められる。一部の実施形態では、ＰＡＭは、５’から３’にかけて、ＮＧＧ、ＹＧ、ＮＮＧＲＲＴ、ＮＮＮＲＲＴ、ＮＧＡ、ＴＹＣＶ、ＴＡＴＶ、ＮＴＴＮ、又はＮＮＮＧＡＴＴであるか又はそれらを含み、ここでＮは任意のヌクレオチドを表し、ＹはＣ又はＴを表し、ＲはＡ又はＧを表し、ＶはＡ又はＣ又はＧを表す。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、表７又は８に列記されるタンパク質である。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、そのＰＡＭを改変する、１つ又は複数の突然変異を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｅ１３６９Ｒ、Ｅ１４４９Ｈ、及びＲ１５５６Ａの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｅ７８２Ｋ、Ｎ９６８Ｋ、及びＲ１０１５Ｈの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｄ１１３５Ｖ、Ｒ１３３５Ｑ、及びＴ１３３７Ｒの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｓ５４２Ｒ及びＫ６０７Ｒの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、Ｓ５４２Ｒ、Ｋ５４８Ｖ、及びＮ５５２Ｒの突然変異又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。改変されたＰＡＭ配列を認識するためのＣａｓ酵素の改変の例示的な進歩が、全体が参照により本明細書に組み込まれるＣｏｌｌｉａｓ ｅｔ ａｌ Ｎａｔｕｒｅ Ｃｏｍｍｕｎｉｃａｔｉｏｎｓ １２：５５５（２０２１）において概説される。

【０４１５】

一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、触媒的に活性であり、標的ＤＮＡ部位の一方又は両方の鎖を切断する。一部の実施形態では、標的ＤＮＡ部位の切断に続いて、改変、例えば、挿入又は欠失が、例えば、細胞修復機構によって形成される。

【０４１６】

一部の実施形態では、Ｃａｓタンパク質は、例えば、ヌクレアーゼ欠損Ｃａｓ９のように、ヌクレアーゼを非活性化又は部分的に非活性化するように修飾される。野生型Ｃａｓ９が、ｇＲＮＡによって標的にされる特定のＤＮＡ配列で二本鎖切断（ＤＳＢ）を生成する一方、修飾された機能性を有するいくつかのＣＲＩＳＰＲエンドヌクレアーゼが利用可能であり、例えば部分的に非活性化されているＣａｓ９の「ニッカーゼ」バージョンは、一本鎖切断のみを生成し；触媒的に不活性であるＣａｓ９（「ｄＣａｓ９」）は、標的ＤＮＡを切断しない。一部の実施形態では、ｄＣａｓ９のＤＮＡ配列への結合は、立体障害によってその部位で転写に干渉し得る。一部の実施形態では、ｄＣａｓ９のアンカー配列への結合は、ゲノム複合体（例えば、ＡＳＭＣ）の形成及び／又は維持に干渉（例えば、それを低減又は阻止）し得る。一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、触媒的に不活性なＣａｓ９、例えば、ｄＣａｓ９を含む。多数の触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質は、当技術分野で公知である。一部の実施形態では、ｄＣａｓ９は、Ｃａｓタンパク質の各エンドヌクレアーゼドメイン内に、突然変異、例えば、Ｄ１０Ａ及びＨ８４０Ａ又はＮ８６３Ａ突然変異を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性な又は部分的に不活性なＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインは、１つ又は複数の突然変異、例えば、表７に列記される突然変異の１つ又は複数を含むＣａｓタンパク質を含む。一部の実施形態では、表７の所与の行に記載されるＣａｓタンパク質は、表７の同じ行に列記される突然変異の１つ、２つ、３つ、又は全部を含む。一部の実施形態では、例えば、表７に記載されていないＣａｓタンパク質は、表７のある行に列記される突然変異の１つ、２つ、３つ若しくは全部又はそのＣａｓタンパク質中の対応する部位での対応する突然変異を含む。

【０４１７】

一部の実施形態では、強化された活性を有するＣａｓ９誘導体が、遺伝子組換えポリペプチドにおいて使用され得る。一部の実施形態では、Ｃａｓ９誘導体は、ＨＮＨエンドヌクレアーゼドメイン、例えば、ＳｐｙＣａｓ９　Ｒ２２１Ｋ、Ｎ３９４Ｋの活性を改善する突然変異若しくはＲ－ループ形成、例えば、ＳｐｙＣａｓ９　Ｌ１２４５Ｖを改善する突然変異を含み得るか、又はこのような突然変異の組合せ、例えば、ＳｐｙＣａｓ９　Ｒ２２１Ｋ／Ｎ３９４Ｋ、ＳｐｙＣａｓ９　Ｎ３９４Ｋ／Ｌ１２４５Ｖ、ＳｐｙＣａｓ９　Ｒ２２１Ｋ／Ｌ１２４５Ｖ若しくはＳｐｙＣａｓ９　Ｒ２２１Ｋ／Ｎ３９４Ｋ／Ｌ１２４５Ｖを含み得る（例えば、Ｓｐｅｎｃｅｒ　ａｎｄ　Ｚｈａｎｇ　Ｓｃｉ　Ｒｅｐ　７：１６８３６（２０１７）を参照、Ｃａｓ９誘導体及びそれに含まれる突然変異が、参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、Ｃａｓ９誘導体は、１つ又は複数のタイプの本明細書に記載される突然変異、例えば、ＰＡＭ修飾突然変異、タンパク質安定化突然変異、活性強化突然変異、及び／又は親酵素（例えば、標的ＤＮＡの一方又は両方の鎖に対するエンドヌクレアーゼ活性をなくす１つ又は複数の突然変異、例えば、ニッカーゼ又は触媒的に不活性な酵素）と比べて１つ若しくは２つのエンドヌクレアーゼドメインを部分的に若しくは完全に不活性化する突然変異を含み得る。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムにおいて使用されるＣａｓ９酵素は、触媒効率を改善する突然変異（例えば、ＳｐｙＣａｓ９　Ｒ２２１Ｋ、Ｎ３９４Ｋ、及び／又はＬ１２４５Ｖ）に加えて、酵素に対するニッカーゼ活性を付与する突然変異（例えば、ＳｐｙＣａｓ９　Ｎ８６３Ａ又はＨ８４０Ａ）を含み得る。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムにおいて使用されるＣａｓ９酵素は、触媒効率を改善するＲ２２１Ｋ及びＮ３９４Ｋ突然変異に加えて、ニッカーゼ活性を付与するＮ８６３Ａ突然変異を更に含むＳｐｙＣａｓ９酵素又は誘導体である。

【０４１８】

一部の実施形態では、触媒的に不活性な、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１１突然変異（例えば、Ｄ１１Ａ突然変異）又は前記位置

に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ９６９突然変異（例えば、Ｈ９６９Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｎ９９５突然変異（例えば、Ｎ９９５Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１１、Ｈ９６９、及びＮ９９５の位置の１つ、２つ若しくは３つでの突然変異（例えば、Ｄ１１Ａ、Ｈ９６９Ａ、及びＮ９９５Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４１９】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１０突然変異（例えば、Ｄ１０Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ５５７突然変異（例えば、Ｈ５５７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１０突然変異（例えば、Ｄ１０Ａ突然変異）及びＨ５５７突然変異（例えば、Ｈ５５７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２０】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ８３９突然変異（例えば、Ｄ８３９Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ８４０突然変異（例えば、Ｈ８４０Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｎ８６３突然変異（例えば、Ｎ８６３Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１０突然変異（例えば、Ｄ１０Ａ）、Ｄ８３９突然変異（例えば、Ｄ８３９Ａ）、Ｈ８４０突然変異（例えば、Ｈ８４０Ａ）、及びＮ８６３突然変異（例えば、Ｎ８６３Ａ）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２１】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｅ９９３突然変異（例えば、Ｅ９９３Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２２】

一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ９１７突然変異（例えば、Ｄ９１７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｅ１００６突然変異（例えば、Ｅ１００６Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１２５５突然変異（例えば、Ｄ１２５５Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ９１７突然変異（例えば、Ｄ９１７Ａ）、Ｅ１００６突然変異（例えば、Ｅ１００６Ａ）、及びＤ１２５５突然変異（例えば、Ｄ１２５５Ａ）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２３】
一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ１６突然変異（例えば、Ｄ１６Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｄ５８７突然変異（例えば、Ｄ５８７Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、部分的に非活性化されたＣａｓドメインは、ニッカーゼ活性を有する。一部の実施形態では、部分的に非活性化されたＣａｓ９ドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓドメイン又は不活性Ｃａｓドメインは、検出可能な二本鎖切断を形成しない。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｈ５８８突然変異（例えば、Ｈ５８８Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９、又は部分的に非活性化されたＣａｓ９タンパク質は、Ｎ６１１突然変異（例えば、Ｎ６１１Ａ突然変異）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。一部の実施形態では、触媒的に不活性なＣａｓ９タンパク質、例えばｄＣａｓ９は、Ｄ１６突然変異（例えば、Ｄ１６Ａ）、Ｄ５８７突然変異（例えば、Ｄ５８７Ａ）、Ｈ５８８突然変異（例えば、Ｈ５８８Ａ）、及びＮ６１１突然変異（例えば、Ｎ６１１Ａ）又は前記位置に対応するアミノ酸に対する類似置換を含む。

【０４２４】
一部の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメイン又はエンドヌクレアーゼドメインは、ｇＲＮＡ（例えば、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡ）を含むか又はそれに（例えば共有結合的に）連結されたＣａｓ分子を含み得る。

【０４２５】
一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ　ｐｙｏｇｅｎｅｓ）Ｃａｓ９（ＳｐＣａｓ９）又はその機能性断片若しくは変異体を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、修飾ＳｐＣａｓ９を含む。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、プロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）特異性を改変する修飾を含む。複数の実施形態では、ＰＡＭは、核酸配列５’－ＮＧＴ－３’に対する特異性を有する。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、例えば、以下：Ｌ１１１１、Ｄ１１３５、Ｇ１２１８、Ｅ１２１９、Ａ１３２２、又はＲ１３３５の１つ若しくは複数の位置に、１つ若しくは複数のアミノ酸置換を含み、それは、例えば、以下：Ｌ１１１１Ｒ、Ｄ１１３５Ｖ、Ｇ１２１８Ｒ、Ｅ１２１９Ｆ、Ａ１３２２Ｒ、Ｒ１３３５Ｖから選択される。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、アミノ酸置換Ｔ１３３７Ｒと、以下：Ｌ１１１１、Ｄ１１３５Ｌ、Ｓ１１３６Ｒ、Ｇ１２１８Ｓ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｄ１３３２Ａ、Ｄ１３３２Ｓ、Ｄ１３３２Ｔ、Ｄ１３３２Ｖ、Ｄ１３３２Ｌ、Ｄ１３３２Ｋ、Ｄ１３３２Ｒ、Ｒ１３３５Ｑ、Ｔ１３３７、Ｔ１３３７Ｌ、Ｔ１３３７Ｑ、Ｔ１３３７Ｉ、Ｔ１３３７Ｖ、Ｔ１３３７Ｆ、Ｔ１３３７Ｓ、Ｔ１３３７Ｎ、Ｔ１３３７Ｋ、Ｔ１３３７Ｈ、Ｔ１３３７Ｑ、及びＴ１３３７Ｍ、又はそれらに対応するアミノ酸置換から選択される１つ若しくは複数の別のアミノ酸置換を含む。複数の実施形態では、修飾ＳｐＣａｓ９は、以下：（ｉ）以下：Ｄ１１３５Ｌ、Ｓ１１３６Ｒ、Ｇ１２１８Ｓ、Ｅ１２１９Ｖ、Ａ１３２２Ｒ、Ｒ１３３５Ｑ、及びＴ１３３７から選択される１つ若しくは複数のアミノ酸置換；並びに（ｉｉ）以下：Ｌ１１１１Ｒ、Ｇ１２１８Ｒ、Ｅ１２１９Ｆ、Ｄ１３３２Ａ、Ｄ１３３２Ｓ、Ｄ１３３２Ｔ、Ｄ１３３２Ｖ、Ｄ１３３２Ｌ、Ｄ１３３２Ｋ、Ｄ１３３２Ｒ、Ｔ１３３７Ｌ、Ｔ１３３７Ｉ、Ｔ１３３７Ｖ、Ｔ１３３７Ｆ、Ｔ１３３７Ｓ、Ｔ１３３７Ｎ、Ｔ１３３７Ｋ、Ｔ１３３７Ｒ、Ｔ１３３７Ｈ、Ｔ１３３７Ｑ、及びＴ１３３７Ｍ、又はそれらに対応するアミノ酸置換から選択される１つ若しくは複数の別のアミノ酸置換を含む。

【０４２６】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓドメイン、例えばＣａｓ９ドメインを含む。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ヌクレアーゼ活性Ｃａｓドメイン、Ｃａｓニッカーゼ（ｎＣａｓ）ドメイン、又はヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ（ｄＣａｓ）を含む。複数の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９ドメイン、Ｃａｓ９ニッカーゼ（ｎＣａｓ９）ドメイン、又はヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９（ｄＣａｓ）を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ９のＣａｓ９ドメイン（例えば、ｄＣａｓ９及びｎＣａｓ９）、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、又はＣａｓ１２ｉを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ９（例えば、ｄＣａｓ９及びｎＣａｓ９）、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、又はＣａｓ１２ｉを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）若しくはＳ．サーモフィラス（Ｓ．ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）Ｃａｓ９、又はその機能性断片を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、例えば、Ｃｈｙｌｉｎｓｋｉ，Ｒｈｕｎ，ａｎｄ Ｃｈａｒｐｅｎｔｉｅｒ（２０１３）ＲＮＡ Ｂｉｏｌｏｇｙ １０：５，７２６－７３７（参照により本明細書に組み込まれる）に記載されているように、Ｃａｓ９配列を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ、例えば、本明細書に記載されるように、Ｃａｓ９、又はその変異体のＨＮＨヌクレアーゼサブドメイン及び／又はＲｕｖＣ１サブドメインを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、又はＣａｓ１２ｉを含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓポリペプチド（例えば、酵素）、又はその機能性断片を含む。複数の実施形態では、Ｃａｓポリペプチド（例えば酵素）は、以下：Ｃａｓ１、Ｃａｓ１Ｂ、Ｃａｓ２、Ｃａｓ３、Ｃａｓ４、Ｃａｓ５、Ｃａｓ５ｄ、Ｃａｓ５ｔ、Ｃａｓ５ｈ、Ｃａｓ５ａ、Ｃａｓ６、Ｃａｓ７、Ｃａｓ８、Ｃａｓ８ａ、Ｃａｓ８ｂ、Ｃａｓ８ｃ、Ｃａｓ９（例えば、Ｃｓｎ１若しくはＣｓｘ１２）、Ｃａｓ１０、Ｃａｓ１０ｄ、Ｃａｓ１２ａ／Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｄ／ＣａｓＹ、Ｃａｓ１２ｅ／ＣａｓＸ、Ｃａｓ１２ｇ、Ｃａｓ１２ｈ、Ｃａｓ１２ｉ、Ｃｓｙ１、Ｃｓｙ２、Ｃｓｙ３、Ｃｓｙ４、Ｃｓｅ１、Ｃｓｅ２、Ｃｓｅ３、Ｃｓｅ４、Ｃｓｅ５ｅ、Ｃｓｃ１、Ｃｓｃ２、Ｃｓａ５、Ｃｓｎ１、Ｃｓｎ２、Ｃｓｍ１、Ｃｓｍ２、Ｃｓｍ３、Ｃｓｍ４、Ｃｓｍ５、Ｃｓｍ６、Ｃｍｒ１、Ｃｍｒ３、Ｃｍｒ４、Ｃｍｒ５、Ｃｍｒ６、Ｃｓｂ１、Ｃｓｂ２、Ｃｓｂ３、Ｃｓｘ１７、Ｃｓｘ１４、Ｃｓｘ１０、Ｃｓｘ１６、ＣｓａＸ、Ｃｓｘ３、Ｃｓｘ１、Ｃｓｘ１Ｓ、Ｃｓｘ１１、Ｃｓｆ１、Ｃｓｆ２、ＣｓＯ、Ｃｓｆ４、Ｃｓｄ１、Ｃｓｄ２、Ｃｓｔ１、Ｃｓｔ２、Ｃｓｈ１、Ｃｓｈ２、Ｃｓａ１、Ｃｓａ２、Ｃｓａ３、Ｃｓａ４、Ｃｓａ５、ＩＩ型Ｃａｓエフェクタータンパク質、Ｖ型Ｃａｓエフェクタータンパク質、ＶＩ型Ｃａｓエフェクタータンパク質、ＣＡＲＦ、ＤｉｎＧ、Ｃｐｆ１、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、Ｃａｓ１２ｂ／Ｃ２ｃ１、Ｃａｓ１２ｃ／Ｃ２ｃ３、ＳｐＣａｓ９（Ｋ８５５Ａ）、ｅＳｐＣａｓ９（１．１）、ＳｐＣａｓ９－ＨＦ１、超精密（ｈｙｐｅｒ ａｃｃｕｒａｔｅ）Ｃａｓ９変異体（ＨｙｐａＣａｓ９）、それらの相同体、それらの修飾若しくは操作バージョン、及び／又はそれらの機能性断片から選択される。複数の実施形態では、Ｃａｓ９は、例えば、以下：Ｈ８４０Ａ、Ｄ１０Ａ、Ｐ４７５Ａ、Ｗ４７６Ａ、Ｎ４７７Ａ、Ｄ１１２５Ａ、Ｗ１１２６Ａ、及びＤ１１２７Ａから選択される１つ又は複数の置換を含む。複数の実施形態では、Ｃａｓ９は、以下：Ｄ１０、Ｇ１２、Ｇ１７、Ｅ７６２、Ｈ８４０、Ｎ８５４、Ｎ８６３、Ｈ９８２、Ｈ９８３、Ａ９８４、Ｄ９８６、及び

／又はＡ９８７から選択される位置に１つ若しくは複数の突然変異、例えば、以下：Ｄ１０Ａ、Ｇ１２Ａ、Ｇ１７Ａ、Ｅ７６２Ａ、Ｈ８４０Ａ、Ｎ８５４Ａ、Ｎ８６３Ａ、Ｈ９８２Ａ、Ｈ９８３Ａ、Ａ９８４Ａ、及び／又はＤ９８６Ａから選択される１つ若しくは複数の置換を含む。一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、以下：コリネバクテリウム・ウルセランス（Ｃｏｒｙｎｅｂａｃｔｅｒｉｕｍ ｕｌｃｅｒａｎｓ）、ジフテリア菌（Ｃｏｒｙｎｅｂａｃｔｅｒｉｕｍ ｄｉｐｈｔｈｅｒｉａ）、スピロプラズマ・シルフィディコーラ（Ｓｐｉｒｏｐｌａｓｍａ ｓｙｒｐｈｉｄｉｃｏｌａ）、プレボテーラ・インターメディア（Ｐｒｅｖｏｔｅｌｌａ ｉｎｔｅｒｍｅｄｉａ）、スピロプラズマ・タイワネンス（Ｓｐｉｒｏｐｌａｓｍａ ｔａｉｗａｎｅｎｓｅ）、ストレプトコッカス・イニエ（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｉｎｉａｅ）、ベルリエラ・バルティカ（Ｂｅｌｌｉｅｌｌａ ｂａｌｔｉｃａ）、サイクロフレクサス・トークイス（Ｐｓｙｃｈｒｏｆｌｅｘｕｓ ｔｏｒｑｕｉｓ）、スタフィロコッカス・サーモフィラス（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｔｈｅｒｍｏｐｈｉｌｕｓ）、リステリア・イノキュア（Ｌｉｓｔｅｒｉａ ｉｎｎｏｃｕａ）、カンピロバクター・ジェジュニ（Ｃａｍｐｙｌｏｂａｃｔｅｒ ｊｅｊｕｎｉ）、髄膜炎菌（Ｎｅｉｓｓｅｒｉａ ｍｅｎｉｎｇｉｔｉｄｉｓ）、化膿性レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｐｙｏｇｅｎｅｓ）若しくは黄色ブドウ球菌（Ｓｔａｐｈｙｌｏｃｏｃｃｕｓ ａｕｒｅｕｓ）、又はその機能性断片若しくは変異体に由来するＣａｓ（例えば、Ｃａｓ９）配列を含む。

【０４２７】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、例えば、位置：Ｄ９１７、Ｅ１００６Ａ、Ｄ１２５５又はそれらの任意の組合せに、例えば、以下：Ｄ９１７Ａ、Ｅ１００６Ａ、Ｄ１２５５Ａ、Ｄ９１７Ａ／Ｅ１００６Ａ、Ｄ９１７Ａ／Ｄ１２５５Ａ、Ｅ１００６Ａ／Ｄ１２５５Ａ、及びＤ９１７Ａ／Ｅ１００６Ａ／Ｄ１２５５Ａから選択される、１つ若しくは複数の置換を含む、Ｃｐｆ１ドメインを含む。

【０４２８】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ｓｐＣａｓ９、ｓｐＣａｓ９－ＶＲＱＲ、ｓｐＣａｓ９－ＶＲＥＲ、ｘＣａｓ９（ｓｐ）、ｓａＣａｓ９、ｓａＣａｓ９－ＫＫＨ、ｓｐＣａｓ９－ＭＱＫＳＥＲ、ｓｐＣａｓ９－ＬＲＫＩＱＫ、又はｓｐＣａｓ９－ＬＲＶＳＱＬを含む。

【０４２９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓ９ニッカーゼ、例えば、Ｃａｓ９　Ｈ８４０Ａを含むエンドヌクレアーゼドメインを有する。複数の実施形態では、Ｃａｓ９　Ｈ８４０Ａは、以下のアミノ酸配列を有する。

Ｃａｓ９ニッカーゼ（Ｈ８４０Ａ）：

【化７】

DKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKR
TARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEK
YPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLF
EENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA
KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDE
HHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVK
LNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGN
SRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNE
LTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRF
NASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLK
RRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERM
KRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSF
LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLS
ELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYF
FYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQT
GGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGI
TIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKY
VNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKH
RDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQL
GGD ( 配列番号 : 11,001)

【０４３０】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｄ１０Ａ及び／又はＨ８４０Ａ突然変異を含むｄＣａｓ９配列、例えば、以下の配列を含む。

【化８】

SMDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRL
KRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYH
EKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQ
LFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAED
AKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYD
EHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLV
KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARG
NSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYN
ELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRF
NASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLK
RRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG
DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERM
KRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSF
LKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLS
ELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYK
VREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYF
FYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQT
GGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGI
TIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKY
VNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKH
RDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQL
GGD ( 配列番号 : 5007)

【０４３１】

ＴＡＬエフェクター及びジンクフィンガーヌクレアーゼ

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、ＴＡＬエフェクター分子を含む。ＴＡＬエフェクター分子、例えば、ＤＮＡ配列に特異的に結合するＴＡＬエフェクター分子は、典型的に、複数のＴＡＬエフェクタードメイン又はそれらの断片及び任意選択で天然に存在するＴＡＬエフェクターの１つ又は複数の更なる部分（例えば、複数のＴＡＬエフェクタードメインのＮ末端及び／又はＣ末端）を含む。多くのＴＡＬエフェクターは、当業者に公知であり、例えば、Ｔｈｅｒｍｏ　Ｆｉｓｈｅｒ

Ｓｃｉｅｎｔｉｆｉｃから市販されている。

【０４３２】

天然に存在するＴＡＬＥは、宿主植物における遺伝子発現を調節し、細菌の定着及び生存を促進する、植物病原体ザントモナス（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ）を含む、極めて多数の細菌性病原体の種によって分泌される天然エフェクタータンパク質である。ＴＡＬエフェクターの特異的結合は、典型的に、３３又は３４アミノ酸のタンデムに配列されたほぼ同一のリピートの中央のリピートドメイン（反復可変二残基、ＲＶＤドメイン）に基づく。

【０４３３】

ＴＡＬエフェクターファミリーのメンバーは、主に、それらのリピートの数及び順序が異なる。リピートの数は、典型的に、１．５～３３．５リピートの範囲であり、Ｃ末端リピートは通常、長さがより短く（例えば、約２０アミノ酸）、一般に「ハーフリピート」と称される。ＴＡＬエフェクターの各リピートは、一般に、異なる塩基対特異性を示す異なるリピート型との１リピート対１塩基対相関を特徴とする（１リピートが標的遺伝子配列上の１塩基対を認識する）。一般に、リピートの数が減少すると、タンパク質－ＤＮＡ相互作用が減弱する。いくつかの６．５リピートが、リポータ遺伝子の転写を活性化するのに十分であることが明らかにされている（Ｓｃｈｏｌｚｅ ｅｔ ａｌ．，２０１０）。

【０４３４】

リピート間の変動は、主にアミノ酸位置１２及び１３で起こり、それ故、例示的な反復可変二残基（ＲＶＤ）及び核酸塩基標的に対するそれらの対応を列記する表９に示すように、「超可変」と称されており、標的ＤＮＡプロモータ配列との相互作用の特異性に関与する。

【０４３５】

【表９】

表9 - RVD及び核酸塩基特異性

| 標的 | 可能なRVDアミノ酸組合せ | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| A | NI | NN | CI | HI | KI | | | | | | | | |
| G | NN | GN | SN | VN | LN | DN | QN | EN | HN | RH | NK | AN | FN |
| C | HD | RD | KD | ND | AD | | | | | | | | |
| T | NG | HG | VG | IG | EG | MG | YG | AA | EP | VA | QG | KG | RG |

【０４３６】

従って、ＴＡＬエフェクターのリピートを修飾し、特定のＤＮＡ配列を標的にすることは可能である。更に、試験では、ＲＶＤ ＮＫがＧを標的にし得ることが明らかにされている。更に、ＴＡＬエフェクターの標的部位は、第１のリピートによって標的にされる５’塩基に隣接するＴを含む傾向があるが、この認識の正確な機構は未知である。１１３を超えるＴＡＬエフェクター配列が、現在まで公知である。ザントモナス（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ）からのＴＡＬエフェクターの非限定的な例として、Ｈａｘ２、Ｈａｘ３、Ｈａｘ４、ＡｖｒＸａ７、ＡｖｒＸａ１０及びＡｖｒＢｓ３が挙げられる。

【０４３７】

従って、本明細書に記載のＴＡＬエフェクター分子のＴＡＬエフェクタードメインは、任意の細菌種（例えば、ザントモナス・オリゼ・パソバー・オリゼ（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ ｏｒｙｚａｅ ｐｖ．Ｏｒｙｚａｅ）のアフリカ株（Ｙｕ ｅｔ ａｌ．２０１１）、ザントモナス・キャンペストリス・パソバー・ラファニ（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ ｃａｍｐｅｓｔｒｉｓ ｐｖ．ｒａｐｈａｎｉ）株７５６Ｃ及びイネ白葉枯病菌（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ ｏｒｙｚａｅ ｐｖ．ｏｒｙｚｉｃｏｌａ）ＢＬＳ２５６（Ｂｏｇｄａｎｏｖｅ ｅｔ ａｌ．２０１１）などのザントモナス（Ｘａｎｔｈｏｍｏｎａｓ）種）からのＴＡＬエフェクターに由来し得る。一部の実施形態では、ＴＡＬエフェクタードメインは、やはり天然に存在するＴＡＬエフェクターからのＲＶＤドメイン及び隣接配列

（ＲＶＤドメインのＮ末端側及び／又はＣ末端側の配列）を含む。それは、天然に存在するＴＡＬエフェクターのＲＶＤよりも多い又は少ないリピートを含み得る。ＴＡＬエフェクター分子は、当技術分野で公知の上記コードやその他に基づく所与のＤＮＡ配列を標的にするように設計され得る。ＴＡＬエフェクタードメイン（例えば、リピート（単量体又はモジュール））の数及びそれらの特定の配列は、所望のＤＮＡ標的配列に基づいて選択され得る。例えば、ＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピートは、特定の標的配列に適するように除去又は付加され得る。ある実施形態では、本発明のＴＡＬエフェクター分子は、６．５～３３．５のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピートを含む。ある実施形態では、本発明のＴＡＬエフェクター分子は、８～３３．５のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピート、例えば、１０～２５のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピート、例えば、１０～１４のＴＡＬエフェクタードメイン、例えば、リピートを含む。

【０４３８】

一部の実施形態では、ＴＡＬエフェクター分子は、ＤＮＡ標的配列との完全一致に対応するＴＡＬエフェクタードメインを含む。一部の実施形態では、ＤＮＡ標的配列上のリピートと標的塩基対との間のミスマッチは、ＴＡＬエフェクター分子を含むポリペプチドの機能を可能にする限り、許容される。一般に、ＴＡＬＥ結合は、ミスマッチの数と逆相関する。一部の実施形態では、本発明のポリペプチドのＴＡＬエフェクター分子は、標的ＤＮＡ配列との、多くて７つのミスマッチ、６つのミスマッチ、５つのミスマッチ、４つのミスマッチ、３つのミスマッチ、２つのミスマッチ、又は１つのミスマッチを含み、及び任意選択でミスマッチを含まない。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一般に、ＴＡＬエフェクター分子のＴＡＬエフェクタードメインの数の減少に応じて、ミスマッチの数が減少することは、許容されるばかりか、ＴＡＬエフェクター分子を含むポリペプチドの機能を可能にすることになる。結合親和性は、一致するリピート－ＤＮＡの組合せの和に依存すると考えられる。例えば、２５又はそれ以上のＴＡＬエフェクタードメインを有するＴＡＬエフェクター分子は、最大で７つのミスマッチを許容可能であり得る。

【０４３９】

ＴＡＬエフェクタードメインに加えて、本発明のＴＡＬエフェクター分子は、天然に存在するＴＡＬエフェクターに由来する更なる配列を含み得る。ＴＡＬエフェクター分子のＴＡＬエフェクタードメイン部分の両側に含まれるＣ末端及び／又はＮ末端配列の長さは、変動し、例えば、Ｚｈａｎｇ　ｅｔ　ａｌ．（２０１１）の試験に基づき、当業者によって選択され得る。Ｚｈａｎｇらは、Ｈａｘ３由来のＴＡＬエフェクターに基づくタンパク質中のいくつかのＣ末端及びＮ末端の切断変異体を特徴づけており、標的配列との最適な結合、ひいては転写の活性化に寄与する主要な要素を同定している。一般に、転写活性がＮ末端の長さと逆相関することが見出された。Ｃ末端に関しては、Ｈａｘ３配列の最初の６８アミノ酸中のＤＮＡ結合残基における重要な要素が同定された。従って、一部の実施形態では、天然に存在するＴＡＬエフェクターのＴＡＬエフェクタードメインのＣ末端側の最初の６８アミノ酸は、ＴＡＬエフェクター分子中に含まれる。従って、ある実施形態では、ＴＡＬエフェクター分子は、１）天然に存在するＴＡＬエフェクターに由来する１つ又は複数のＴＡＬエフェクタードメイン；２）ＴＡＬエフェクタードメインのＮ末端側の天然に存在するＴＡＬエフェクターからの少なくとも７０、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７０、１８０、１９０、２００、２２０、２３０、２４０、２５０、２６０、２７０、２８０若しくはそれ以上のアミノ酸；及び／又は３）ＴＡＬエフェクタードメインのＣ末端側の天然に存在するＴＡＬエフェクターからの少なくとも６８、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７０、１８０、１９０、２００、２２０、２３０、２４０、２５０、２６０若しくはそれ以上のアミノ酸を含む。

【０４４０】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン又はＤＮＡ結合ドメインは、Ｚｎフィンガー分子であるか又はそれを含む。Ｚｎフィンガー分子は、Ｚｎフィンガータンパク

質、例えば、天然に存在するＺｎフィンガータンパク質若しくは改変されたＺｎフィンガータンパク質、又はその断片を含む。多くのＺｎフィンガータンパク質は、当業者に公知であり、例えば、Ｓｉｇｍａ－Ａｌｄｒｉｃｈから市販されている。

【０４４１】

一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、選択される標的ＤＮＡ配列に結合するように改変される、非天然に存在するＺｎフィンガータンパク質を含む。例えば、Ｂｅｅｒｌｉ，ｅｔ ａｌ．（２００２）Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．２０：１３５－１４１；Ｐａｂｏ，ｅｔ ａｌ．（２００１）Ａｎｎ．Ｒｅｖ．Ｂｉｏｃｈｅｍ．７０：３１３－３４０；Ｉｓａｌａｎ，ｅｔ ａｌ．（２００１）Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．１９：６５６－６６０；Ｓｅｇａｌ，ｅｔ ａｌ．（２００１）Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．１２：６３２－６３７；Ｃｈｏｏ，ｅｔ ａｌ．（２０００）Ｃｕｒｒ．Ｏｐｉｎ．Ｓｔｒｕｃｔ．Ｂｉｏｌ．１０：４１１－４１６；米国特許第６，４５３，２４２号明細書；米国特許第６，５３４，２６１号明細書；米国特許第６，５９９，６９２号明細書；米国特許第６，５０３，７１７号明細書；米国特許第６，６８９，５５８号明細書；米国特許第７，０３０，２１５号明細書；米国特許第６，７９４，１３６号明細書；米国特許第７，０６７，３１７号明細書；米国特許第７，２６２，０５４号明細書；米国特許第７，０７０，９３４号明細書；米国特許第７，３６１，６３５号明細書；米国特許第７，２５３，２７３号明細書；及び米国特許出願公開第２００５／００６４４７４号明細書；米国特許出願公開第２００７／０２１８５２８号明細書；米国特許出願公開第２００５／０２６７０６１号明細書（全てはそれらの全体が参照により本明細書に組み込まれる）を参照されたい。

【０４４２】

改変されたＺｎフィンガータンパク質は、天然に存在するＺｎフィンガータンパク質と比較して、新規な結合特異性を有し得る。改変方法として、限定はしないが、合理的な設計及び様々なタイプの選択が挙げられる。合理的な設計は、例えば、三つ組（又は四つ組）ヌクレオチド配列及び個別のＺｎフィンガーアミノ酸配列を含むデータベースの使用を含み、それぞれの三つ組又は四つ組ヌクレオチド配列は、特定の三つ組又は四つ組配列に結合するＺｎフィンガーの１つ又は複数のアミノ酸配列と会合する。例えば、米国特許第６，４５３，２４２号明細書及び米国特許第６，５３４，２６１号明細書（それらの全体が参照により本明細書に組み込まれる）を参照されたい。

【０４４３】

ファージディスプレイ及びツーハイブリッドシステムを含む例示的な選択方法は、米国特許第５，７８９，５３８号明細書；米国特許第５，９２５，５２３号明細書；米国特許第６，００７，９８８号明細書；米国特許第６，０１３，４５３号明細書；米国特許第６，４１０，２４８号明細書；米国特許第６，１４０，４６６号明細書；米国特許第６，２００，７５９号明細書；及び米国特許第６，２４２，５６８号明細書；並びに国際特許公開の国際公開第９８／３７１８６号パンフレット；国際公開第９８／５３０５７号パンフレット；国際公開第００／２７８７８号パンフレット；並びに国際公開第０１／８８１９７号パンフレット及び英国特許第２，３３８，２３７号明細書に開示されている。更に、Ｚｎフィンガータンパク質における結合特異性の増加については、例えば、国際特許公開の国際公開第０２／０７７２２７号パンフレットに記載されている。

【０４４４】

更に、これらや他の参考文献に開示のとおり、Ｚｎフィンガードメイン及び／又は多指型（ｍｕｌｔｉ－ｆｉｎｇｅｒｅｄ）Ｚｎフィンガータンパク質は、例えば、５又はそれ以上のアミノ酸長のリンカーを含む、任意の好適なリンカー配列を用いて、一緒に連結され得る。６又はそれ以上のアミノ酸長の例示的なリンカー配列については、米国特許第６，４７９，６２６号明細書；米国特許第６，９０３，１８５号明細書；及び米国特許第７，１５３，９４９号明細書も参照されたい。本明細書に記載のタンパク質は、タンパク質の個別のＺｎフィンガー間の好適なリンカーの任意の組合せを含み得る。更に、Ｚｎフィンガー結合ドメインにおける結合特異性の増加については、例えば、共同所有された国際

特許公開の国際公開第０２／０７７２２７号パンフレットに記載されている。

【０４４５】

融合タンパク質（及びそれをコードするポリヌクレオチド）の設計及び構築のためのＺｎフィンガーのタンパク質及び方法は、当業者に公知であり、米国特許第６，１４０，０８１５号明細書；米国特許第７８９，５３８号明細書；米国特許第６，４５３，２４２号明細書；米国特許第６，５３４，２６１号明細書；米国特許第５，９２５，５２３号明細書；米国特許第６，００７，９８８号明細書；米国特許第６，０１３，４５３号明細書；及び米国特許第６，２００，７５９号明細書；国際特許公開の国際公開第９５／１９４３１号パンフレット；国際公開第９６／０６１６６号パンフレット；国際公開第９８／５３０５７号パンフレット；国際公開第９８／５４３１１号パンフレット；国際公開第００／２７８７８号パンフレット；国際公開第０１／６０９７０号パンフレット；国際公開第０１／８８１９７号パンフレット；国際公開第０２／０９９０８４号パンフレット；国際公開第９８／５３０５８号パンフレット；国際公開第９８／５３０５９号パンフレット；国際公開第９８／５３０６０号パンフレット；国際公開第０２／０１６５３６号パンフレット；及び国際公開第０３／０１６４９６号パンフレットに詳述されている。

【０４４６】

更に、これらや他の参考文献に開示のとおり、Ｚｎフィンガータンパク質及び／又は多指型Ｚｎフィンガータンパク質は、例えば、５又はそれ以上のアミノ酸長のリンカーを含む、任意の好適なリンカー配列を用いて、例えば、融合タンパク質として、一緒に連結され得る。６又はそれ以上のアミノ酸長の例示的なリンカー配列については、米国特許第６，４７９，６２６号明細書；米国特許第６，９０３，１８５号明細書；及び米国特許第７，１５３，９４９号明細書も参照されたい。本明細書に記載のＺｎフィンガー分子は、Ｚｎフィンガー分子の個別のＺｎフィンガータンパク質及び／又は多指型Ｚｎフィンガータンパク質間の好適なリンカーの任意の組合せを含み得る。

【０４４７】

特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメイン又はエンドヌクレアーゼドメインは、標的ＤＮＡ配列に（配列特異的様式で）結合する改変されたＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子を含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、１つのＺｎフィンガータンパク質又はその断片を含む。他の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、複数のＺｎフィンガータンパク質（又はその断片）、例えば、２、３、４、５、６又はそれ以上のＺｎフィンガータンパク質（及び任意選択で多くて１２、１１、１０、９、８、７、６、５、４、３、又は２つのＺｎフィンガータンパク質）を含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、少なくとも３つのＺｎフィンガータンパク質を含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、４、５又は６つのフィンガーを含む。一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、８、９、１０、１１又は１２のフィンガーを含む。一部の実施形態では、３つのＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子は、９又は１０ヌクレオチドを含む標的ＤＮＡ配列を認識する。一部の実施形態では、４つのＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子は、１２～１４ヌクレオチドを含む標的ＤＮＡ配列を認識する。一部の実施形態では、６つのＺｎフィンガータンパク質を含むＺｎフィンガー分子は、１８～２１ヌクレオチドを含む標的ＤＮＡ配列を認識する。

【０４４８】

一部の実施形態では、Ｚｎフィンガー分子は、両手式のＺｎフィンガータンパク質を含む。両手式のＺｎフィンガータンパク質は、２つのＺｎフィンガードメインが２つの不連続な標的ＤＮＡ配列に結合するように、Ｚｎフィンガータンパク質の２つのクラスターが介在性アミノ酸によって分離されたタンパク質である。両手型のＺｎフィンガー結合タンパク質の例として、４つのＺｎフィンガータンパク質のクラスターがそのタンパク質のアミノ末端に位置し、３つのＺｎフィンガータンパク質のクラスターがカルボキシル末端に位置する場合のＳＩＰ１が挙げられる（Ｒｅｍａｄｅ，ｅｔ　ａｌ．（１９９９）ＥＭＢＯ　Ｊｏｕｒｎａｌ　１８（１８）：５０７３－５０８４を参照されたい）。これらのタンパク質におけるＺｎフィンガーの各クラスターは、固有の標的配列に結合可能であり、

２つの標的配列間の間隔は、多数のヌクレオチドを含み得る。

【０４４９】

リンカー

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカー、例えば、ペプチドリンカー、例えば、表１又は表１０に記載されるリンカーを含み得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の方向に、Ｃａｓドメイン（例えば、表８のＣａｓドメイン）、表１０のリンカー（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する配列）、及びＲＴドメイン（例えば、表６のＲＴドメイン）を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、エンドヌクレアーゼとＲＴドメインとの間のフレキシブルリンカー、例えばアミノ酸配列ＳＧＧＳＳＧＧＳＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳＳＧＧＳＳＧＧＳＳ（配列番号１１，００２）を含むリンカーを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、エンドヌクレアーゼドメインに対してＣ末端に位置し得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、エンドヌクレアーゼドメインに対してＮ末端に位置し得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む。

【０４５０】

【表１０－１】

*表10. 例示的なリンカー配列*

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GGS | |
| GGSGGS | 5102 |
| GGSGGSGGS | 5103 |
| GGSGGSGGSGGS | 5104 |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 5105 |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 5106 |
| GGGGS | 5107 |
| GGGGSGGGGS | 5108 |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 5109 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 5110 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 5111 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 5112 |
| GGG | |
| GGGG | 5114 |
| GGGGG | 5115 |
| GGGGGG | 5116 |
| GGGGGGG | 5117 |
| GGGGGGGG | 5118 |
| GSS | |

【０４５１】

【表１０－２】

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GSSGSS | 5120 |
| GSSGSSGSS | 5121 |
| GSSGSSGSSGSS | 5122 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 5123 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 5124 |
| EAAAK | 5125 |
| EAAAKEAAAK | 5126 |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 5127 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 5128 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 5129 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 5130 |
| PAP | |
| PAPAP | 5132 |
| PAPAPAP | 5133 |
| PAPAPAPAP | 5134 |
| PAPAPAPAPAP | 5135 |
| PAPAPAPAPAPAP | 5136 |
| GGSGGG | 5137 |
| GGGGGS | 5138 |
| GGSGSS | 5139 |
| GSSGGS | 5140 |
| GGSEAAAK | 5141 |
| EAAAKGGS | 5142 |
| GGSPAP | 5143 |
| PAPGGS | 5144 |
| GGGGSS | 5145 |
| GSSGGG | 5146 |
| GGGEAAAK | 5147 |
| EAAAKGGG | 5148 |
| GGGPAP | 5149 |
| PAPGGG | 5150 |
| GSSEAAAK | 5151 |
| EAAAKGSS | 5152 |
| GSSPAP | 5153 |
| PAPGSS | 5154 |
| EAAAKPAP | 5155 |
| PAPEAAAK | 5156 |
| GGSGGGGSS | 5157 |

【０４５２】

【表１０－３】

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GGSGSSGGG | 5158 |
| GGGGGSGSS | 5159 |
| GGGGSSGGS | 5160 |
| GSSGGSGGG | 5161 |
| GSSGGGGGS | 5162 |
| GGSGGGEAAAK | 5163 |
| GGSEAAAKGGG | 5164 |
| GGGGGSEAAAK | 5165 |
| GGGEAAAKGGS | 5166 |
| EAAAKGGSGGG | 5167 |
| EAAAKGGGGGS | 5168 |
| GGSGGGPAP | 5169 |
| GGSPAPGGG | 5170 |
| GGGGGSPAP | 5171 |
| GGGPAPGGS | 5172 |
| PAPGGSGGG | 5173 |
| PAPGGGGGS | 5174 |
| GGSGSSEAAAK | 5175 |
| GGSEAAAKGSS | 5176 |
| GSSGGSEAAAK | 5177 |
| GSSEAAAKGGS | 5178 |
| EAAAKGGSGSS | 5179 |
| EAAAKGSSGGS | 5180 |
| GGSGSSPAP | 5181 |
| GGSPAPGSS | 5182 |
| GSSGGSPAP | 5183 |
| GSSPAPGGS | 5184 |
| PAPGGSGSS | 5185 |
| PAPGSSGGS | 5186 |
| GGSEAAAKPAP | 5187 |
| GGSPAPEAAAK | 5188 |
| EAAAKGGSPAP | 5189 |
| EAAAKPAPGGS | 5190 |
| PAPGGSEAAAK | 5191 |
| PAPEAAAKGGS | 5192 |
| GGGGSSEAAAK | 5193 |
| GGGEAAAKGSS | 5194 |
| GSSGGGEAAAK | 5195 |

【０４５３】

【表１０－４】

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| GSSEAAAKGGG | 5196 |
| EAAAKGGGGSS | 5197 |
| EAAAKGSSGGG | 5198 |
| GGGGSSPAP | 5199 |
| GGGPAPGSS | 5200 |
| GSSGGGPAP | 5201 |
| GSSPAPGGG | 5202 |
| PAPGGGGSS | 5203 |
| PAPGSSGGG | 5204 |
| GGGEAAAKPAP | 5205 |
| GGGPAPEAAAK | 5206 |
| EAAAKGGGPAP | 5207 |
| EAAAKPAPGGG | 5208 |
| PAPGGGEAAAK | 5209 |
| PAPEAAAKGGG | 5210 |
| GSSEAAAKPAP | 5211 |
| GSSPAPEAAAK | 5212 |
| EAAAKGSSPAP | 5213 |
| EAAAKPAPGSS | 5214 |
| PAPGSSEAAAK | 5215 |
| PAPEAAAKGSS | 5216 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 5217 |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 5218 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 5219 |
| SGSETPGTSESATPES | 5220 |
| GSAGSAAGSGEF | 5221 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 5222 |

【０４５４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカーは、（ＳＧＧＳ）$_n$（配列番号５０２５）、（ＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５０２６）、（ＧＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５０２７）、（Ｇ）$_n$、（ＥＡＡＡＫ）$_n$（配列番号５０２８）、（ＧＧＳ）$_n$、又は（ＸＰ）$_n$から選択されるモチーフを含む。

【０４５５】

プールスクリーニングによる遺伝子組換えポリペプチド選択

候補遺伝子組換えポリペプチドは、候補の遺伝子編集能力を評価するためにスクリーニングされ得る。例えば、ヒトゲノムにおけるコード配列の標的化された編集のために設計されたＲＮＡ遺伝子組換えシステムが使用され得る。特定の実施形態では、このような遺伝子組換えシステムが、プールスクリーニング手法と共に使用され得る。

【０４５６】

例えば、遺伝子組換えポリペプチド候補及び鋳型ガイドＲＮＡ（ｔｇＲＮＡ）のライブラリーが、プールスクリーニング手法によって候補の遺伝子編集能力を試験するために、哺乳動物細胞内に導入され得る。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチド候補のライブラリーが、哺乳動物細胞内に導入された後、ｔｇＲＮＡが細胞内に導入される。

【０４５７】

スクリーニングにおいて使用され得る哺乳動物細胞代表的な非限定的な例としては、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞、Ｕ２ＯＳ細胞、ＨｅＬａ細胞、ＨｅｐＧ２細胞、Ｈｕｈ７細胞、Ｋ５６２細胞、又はｉＰＳ細胞が挙げられる。

【０４５８】

遺伝子組換えポリペプチド候補は、１）Ｃａｓ－ヌクレアーゼ、例えば野生型Ｃａｓヌクレアーゼ、例えば、野生型Ｃａｓ９ヌクレアーゼ、突然変異体Ｃａｓヌクレアーゼ、例えば、Ｃａｓニッカーゼ、例えば、Ｃａｓ９　Ｎ８６３Ａニッカーゼなどの Ｃａｓ９ニッカーゼ、又は表７若しくは８から選択されるＣａｓヌクレアーゼ、２）ペプチドリンカー

、例えば、様々な程度の長さ、柔軟性、疎水性、及び／又は二次構造を示し得る表１若しくは１０からの配列；及び３）逆転写酵素（ＲＴ）、例えば、表１若しくは６からのＲＴドメインを含み得る。遺伝子組換えポリペプチド候補ライブラリーは、Ｃａｓヌクレアーゼ、ペプチドリンカー若しくはＲＴドメイン成分の１つ、２つ若しくは３つ全てに関して互いに異なる複数の異なる遺伝子組換えポリペプチド候補、又はこのような遺伝子組換えポリペプチド候補をコードする複数の核酸発現ベクターを含む。

【０４５９】

遺伝子組換えポリペプチド候補のスクリーニングについて、遺伝子組換えポリペプチド成分及びｔｇＲＮＡ成分を含む２成分システムが使用され得る。遺伝子組換え成分は、例えば、発現ベクター、例えば遺伝子組換えポリペプチド候補をコードする発現プラスミド又はレンチウイルスベクターを含み得、例えば遺伝子組換えポリペプチド候補をコードするヒトコドン最適化核酸、例えば上記のＣａｓ－リンカー－ＲＴ融合を含む。特定の実施形態では、（ｉ）哺乳動物細胞内の発現のためのプロモータ、例えばＣＭＶプロモータ；（ｉｉ）遺伝子組換えライブラリー候補、例えば表７又は８のＣａｓヌクレアーゼ、表１０のペプチドリンカー及び表６のＲＴを含むＣａｓ－リンカー－ＲＴ融合、例えば表１にあるようなＣａｓ－リンカー－ＲＴ融合；（ｉｉｉ）自己切断ポリペプチド、例えばＴ２Ａペプチド；（ｉｖ）哺乳動物細胞内の選択を可能にするマーカ、例えばピューロマイシン耐性遺伝子；及び（ｖ）終結シグナル、例えばポリＡテールを含むレンチウイルスカセットが用いられる。

【０４６０】

ｔｇＲＮＡ成分は、ｔｇＲＮＡ又は発現ベクター、例えば、ｔｇＲＮＡを生成し、例えば、Ｕ６プロモータを用いて、ｔｇＲＮＡの発現を駆動する発現プラスミドを含み得、ここで、ｔｇＲＮＡは、Ｃａｓによって認識され、それを目的のゲノム遺伝子座に局在化し、またＲＴドメインによって所望の編集の逆転写をゲノムに鋳型化するノンコーディングＲＮＡ配列である。

【０４６１】

遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補を発現する細胞のプールを調製するために、哺乳動物細胞、例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞に、プールされた遺伝子組換えポリペプチド候補発現ベクター調製物、例えば、遺伝子組換え候補ポリペプチドライブラリーのレンチウイルス調製物が形質導入され得る。特定の実施形態では、レンチウイルスプラスミドが用いられ、ＨＥＫ２９３　Ｌｅｎｔｉ－Ｘ細胞が、レンチウイルスプラスミドトランスフェクションの前に、１５ｃｍプレートに播種される（約$12\times10^{6}$個の細胞）。こうした実施形態では、レンチウイルスプラスミドトランスフェクションが、Ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ　Ｐａｃｋａｇｉｎｇ　Ｍｉｘ（Ｂｉｏｓｅｔｔｉａ）を用いて行われ得、遺伝子組換え候補ライブラリーのためのプラスミドＤＮＡのトランスフェクションが、製造業者のプロトコルに従って、Ｌｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ　２０００及びＯｐｔｉ－ＭＥＭ培地を用いて行われる。こうした実施形態では、細胞外ＤＮＡが、翌日、完全な培地交換によって除去され得、ウイルス含有培地が、４８時間後に収集され得る。レンチウイルス培地は、Ｌｅｎｔｉ－Ｘ　Ｃｏｎｃｅｎｔｒａｔｏｒ（ＴａＫａＲａ　Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）を用いて濃縮され得、５ｍＬのレンチウイルスアリコートが作製され、－８０℃で貯蔵され得る。レンチウイルス力価測定が、選択後、例えば、ピューロマイシン選択後にコロニー形成単位を計数することによって行われる。

【０４６２】

標的ＤＮＡの遺伝子編集をモニターするために、哺乳動物細胞、例えば、標的ＤＮＡを担持するＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞が用いられ得る。標的ＤＮＡの遺伝子編集のモニターについての他の実施形態では、哺乳動物細胞、例えば、標的ＤＮＡゲノムランディングパッドを担持するＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞が用いられ得る。特定の実施形態では、標的ＤＮＡゲノムランディングパッドは、対象とする疾患又は障害の処置のために編集される遺伝子を含み得る。他の特定の実施形態では、標的ＤＮＡは、遺伝子編集が起こったかどうかを決定するためにモニターされ得る検出可能な特性を示すタンパク質を発

現する遺伝子配列である。例えば、特定の実施形態では、青色蛍光タンパク質（ＢＦＰ）発現又は緑色蛍光タンパク質（ＧＦＰ）発現ゲノムランディングパッドが用いられる。特定の実施形態では、哺乳動物細胞、例えば、標的ＤＮＡ、例えば、標的ＤＮＡゲノムランディングパッドを含むＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞が、遺伝子組換えライブラリー候補当たり５００×～３０００×細胞で培養プレートに播種され、細胞当たりの多重感染を最小限に抑えるために０．２～０．３感染多重度（ＭＯＩ）で形質導入される。ピューロマイシン（２．５ｕｇ／ｍＬ）が、感染細胞の選択を可能にするために、感染の４８時間後に加えられ得る。こうした実施形態では、細胞は、少なくとも７日間にわたってピューロマイシン選択下に置かれ、次に、ｔｇＲＮＡ導入、例えば、ｔｇＲＮＡエレクトロポレーションのためにスケールアップされ得る。

【０４６３】

遺伝子編集が起こるかどうかを確認するために、編集される標的ＤＮＡを含有する哺乳動物細胞に、遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補を感染させ、次に、標的ＤＮＡの編集への使用のために設計されたｔｇＲＮＡでトランスフェクトさせ得る。その後、細胞は、例えば、細胞ソーティング及び配列分析を使用することにより、標的遺伝子座の編集が、設計された結果に準じて起こったかどうか、又は編集が起こらなかった若しくは不完全な編集が起こったかどうかを決定するために分析され得る。

【０４６４】

特定の実施形態では、ゲノム編集が起こるかどうかを確認するために、ＢＦＰ－又はＧＦＰ発現哺乳動物細胞、例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞に、遺伝子組換えライブラリー候補を感染させ、次に、ｔｇＲＮＡプラスミド又はＲＮＡ、例えば、ライブラリー候補につき＞２５０×～１０００×のカバレージを確実にする細胞数で、ＢＦＰからＧＦＰ又はＧＦＰからＢＦＰに変換するように設計された２００ｎｇのｔｇＲＮＡプラスミドによる２５０，０００個の細胞／ウェルのエレクトロポレーションによってトランスフェクト又はエレクトロポレートさせ得る。こうした実施形態では、このアッセイにおける様々な構築物のゲノム編集能力が、エレクトロポレーションの４～１０日後に、色変換型蛍光タンパク質（ＦＰ）の発現のために蛍光活性化細胞ソーティング（Ｆｌｕｏｒｅｓｃｅｎｃｅ－Ａｃｔｉｖａｔｅｄ Ｃｅｌｌ Ｓｏｒｔｉｎｇ）（ＦＡＣＳ）によって細胞をソートすることによって評価され得る。細胞がソートされ、非編集細胞（元の蛍光タンパク質シグナルを示す）、編集細胞（変換された蛍光タンパク質シグナルを示す）、及び不完全な編集（蛍光タンパク質シグナルを示さない）細胞の異なる集団として収集される。非ソート細胞のサンプルも、分析中の候補富化を決定するために入力集団として収集され得る。

【０４６５】

遺伝子組換えライブラリー候補が、アッセイにおいてゲノム編集能力を示すかどうかを決定するために、ゲノムＤＮＡ（ｇＤＮＡ）が、ソートされた細胞集団から収集され、各集団における遺伝子組換えライブラリー候補をシーケンシングすることによって分析される。簡潔に述べると、遺伝子組換え候補が、遺伝子組換えポリペプチド発現ベクター、例えば、レンチウイルスカセットに特異的なプライマーを用いてゲノムから増幅され、ゲノムＤＮＡを希釈するために第２回のＰＣＲにおいて増幅され、次に、シーケンシングされ、例えば、次世代シーケンシングプラットフォームによってシーケンシングされ得る。シーケンシングリードの品質管理の後、少なくとも約１５００ヌクレオチド及び一般に約３２００ヌクレオチド以下のリードが、遺伝子組換えポリペプチドライブラリー配列にマップされ、ライブラリー配列との最小で約８０％の一致を含むものが、このプールされたスクリーンのための所与の候補と問題なく整列されたと見なされる。アッセイにおいて遺伝子編集、例えば、ＢＦＰからＧＦＰ又はＧＦＰからＢＦＰの編集を行うことが可能な候補を同定するために、編集された集団における各ライブラリー候補のリードカウントが、最初の非ソート集団におけるそのリードカウントと比較される。

【０４６６】

プールスクリーニングのために、ゲノム編集能力を有する遺伝子組換え候補が、非ソー

ト（入力）細胞と比べた編集された（変換されたＦＰ）集団の富化に基づいて同定される。一部の実施形態では、入力の少なくとも１．０、１．５、２．０、２．５、３．０、４．０、５．０、６．０、７．０、８．０、９．０、１０、１５、２０、２５、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０、又は少なくとも１００倍の富化は、潜在的に有用な遺伝子編集活性、例えば、少なくとも２倍の富化を示す。一部の実施形態では、富化は、富化比のｌｏｇ底２を取ることによってｌｏｇ値に換算される。一部の実施形態では、少なくとも０、１、２、３、４、５、５．５、６．０、６．２、６．３、６．４、６．５、又は少なくとも６．６のｌｏｇ２富化スコアは、潜在的に有用な遺伝子編集活性、例えば、少なくとも１．０のｌｏｇ２富化スコアを示す。特定の実施形態では、遺伝子組換え候補について観察される富化値は、参照、例えば、実施例７に記載されるエレメントＩＤ番号：１７３８０を用いて同様の条件下で観察される富化値と比較され得る。

【０４６７】

一部の実施形態では、複数のｔｇＲＮＡが、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。特定の実施形態では、複数のｔｇＲＮＡが、例えば、特定の標的遺伝子、例えば、疾患の処置のための遺伝子標的の遺伝子編集のために、鋳型／Ｃａｓ－リンカー－ＲＴ融合対を最適化するのに用いられ得る。特定の実施形態では、遺伝子組換え候補をスクリーニングするためのプール手法が、配列された形式で多くの異なるｔｇＲＮＡを用いて行われ得る。

【０４６８】

一部の実施形態では、複数のタイプの編集、例えば、異なる長さの挿入、置換、及び／又は欠失が、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。

【０４６９】

一部の実施形態では、複数の標的配列、例えば、異なる蛍光タンパク質が、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。一部の実施形態では、複数の標的配列、例えば、異なる蛍光タンパク質が、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。一部の実施形態では、複数の細胞型、例えば、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳが、遺伝子組換え候補ライブラリーをスクリーニングするのに使用され得る。当業者は、所与の候補が、ｔｇＲＮＡ配列（例えば、ヌクレオチド修飾、ＰＢＳ長さ、ＲＴ鋳型長さ）、標的配列、標的位置、編集のタイプ、遺伝子組換えポリペプチドの第１の鎖ニックに対する突然変異の位置又は細胞型を含む異なる条件にわたり、改変された編集能力又は観察可能な若しくは有用な活性の増加又は低下を示し得ることを理解するであろう。従って、一部の実施形態では、遺伝子組換えライブラリー候補が、例えば、少なくとも２つの細胞型における少なくとも２つの異なるｔｇＲＮＡを用いて、複数のパラメータにわたってスクリーニングされ、遺伝子編集活性が、いずれかの単一の条件における富化によって同定される。他の実施形態では、異なるｔｇＲＮＡ及び細胞型にわたってよりロバストな活性を有する候補が、少なくとも２つの条件、例えば、スクリーニングされる全ての条件における富化によって同定される。明確にするために、任意の所与の条件下でほとんどないし全く富化を示さないことが分かった候補は、全ての条件にわたって不活性であると推定されず、異なるパラメータを用いてスクリーニングされるか、又は例えばドメイン（例えば、ＲＴドメイン）、リンカー若しくは他のシグナル（例えば、ＮＬＳ）を交換するか、入れ替えるか又は変化させることにより、ポリペプチドレベルで再構成され得る。

【０４７０】

例示的なＣａｓ９－リンカー－ＲＴ融合の配列

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカー配列及びＲＴ配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同

一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表１に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；及び表１に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）表１の行に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；及び（ｉｉ）表１の同じ行に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７１】

例示的な遺伝子組換えポリペプチド

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載されるシステムの一部である遺伝子組換えポリペプチド）は、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも８０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７２】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では

、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙されるリンカー配列を含むリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ１に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）表Ｔ１の行に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー；及び（ｉｉ）表Ｔ１の同じ行に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７５】

【表Ｔ１】

表T1. 例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択

| 完全なポリペプチド配列の配列番号 | リンカー配列 | リンカーの配列番号 | RT名 |
|---|---|---|---|
| 1372 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,401 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 1197 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,402 | FLV_P10273_3mutA |
| 2784 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,403 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 647 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,404 | SFV3L_P27401_2mutA |

【０４７６】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙されるリンカー配列を含むリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５

％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ｔ２に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（ｉ）表Ｔ２の行に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー；及び（ｉｉ）表Ｔ２の同じ行に列挙されるＲＴドメイン配列を含むＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４７７】

【表Ｔ２－１】

表T2. 例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択

| 完全なポリペプチド配列の配列番号 | リンカー配列 | リンカーの配列番号 | RT名 |
|---|---|---|---|
| 2311 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,405 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 1373 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,406 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 2644 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,407 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2304 | GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,408 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2325 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,409 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2322 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,410 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2187 | PAPAPAPAPAP | 15,411 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| 2309 | PAPAPAPAPAPAP | 15,412 | MLVCB_P08361_3mutA |

【０４７８】

【表Ｔ２－２】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 2534 | PAPAPAPAPAPAP | 15,413 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 2797 | PAPAPAPAPAPAP | 15,414 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3084 | PAPAPAPAPAPAP | 15,415 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 2868 | PAPAPAPAPAPAP | 15,416 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 126 | EAAAKGGG | 15,417 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 306 | EAAAKGGG | 15,418 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 1410 | PAPGGG | 15,419 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 804 | GGGGSSGGS | 15,420 | WMSV_P03359_3mut |
| 1937 | GGGGGSEAAAK | 15,421 | BAEVM_P10272_3mutA |
| 2721 | GGGEAAAKGGS | 15,422 | MLVMS_P03355_3mut |
| 3018 | GGGEAAAKGGS | 15,423 | MLVMS_P03355_3mut |
| 1018 | GGGEAAAKGGS | 15,424 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 2317 | GGSGGGPAP | 15,425 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2649 | PAPGGSGGG | 15,426 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2878 | PAPGGSGGG | 15,427 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 912 | GGSEAAAKPAP | 15,428 | WMSV_P03359_3mutA |
| 2338 | GGSPAPEAAAK | 15,429 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 2527 | GGSPAPEAAAK | 15,430 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 141 | EAAAKGGSPAP | 15,431 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 341 | EAAAKGGSPAP | 15,432 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 2315 | EAAAKPAPGGS | 15,433 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 3080 | EAAAKPAPGGS | 15,434 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 2688 | GGGGSSEAAAK | 15,435 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2885 | GGGGSSEAAAK | 15,436 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2810 | GSSGGGEAAAK | 15,437 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3057 | GSSGGGEAAAK | 15,438 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1861 | GSSEAAAKGGG | 15,439 | MLVAV_P03356_3mutA |
| 3056 | GSSGGGPAP | 15,440 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1038 | GSSPAPGGG | 15,441 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 2308 | PAPGGGGSS | 15,442 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 1672 | GGGEAAAKPAP | 15,443 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| 2526 | GGGEAAAKPAP | 15,444 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 1938 | GGGPAPEAAAK | 15,445 | BAEVM_P10272_3mutA |
| 2641 | GSSEAAAKPAP | 15,446 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2891 | GSSEAAAKPAP | 15,447 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 1225 | GSSPAPEAAAK | 15,448 | FLV_P10273_3mutA |

【０４７９】

【表Ｔ２－３】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 2839 | GSSPAPEAAAK | 15,449 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3127 | GSSPAPEAAAK | 15,450 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 2798 | PAPGSSEAAAK | 15,451 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 3091 | PAPGSSEAAAK | 15,452 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1372 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,453 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 1197 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,454 | FLV_P10273_3mutA |
| 2611 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,455 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 2784 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,456 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 480 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,457 | SFV1_P23074_2mutA |
| 647 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,458 | SFV3L_P27401_2mutA |
| 1006 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,459 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 2518 | SGSETPGTSESATPES | 15,460 | MLVFF_P26809_3mutA |

【０４８０】

例示的な遺伝子組換えポリペプチドの部分配列

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、Ｎ末端メチオニン残基、第１の核局在化シグナル（ＮＬＳ）、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、ＲＴドメイン及び／又は第２のＮＬＳの１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、又は６つ全て）を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、ＮＬＳ（例えば、第１のＮＬＳ）、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、及びＲＴドメインを含み、ここで、リンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つ、又は前記リンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列の遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、ＲＴドメイン、及びＮＬＳ（例えば、第２のＮＬＳ）を含み、ここで、リンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つ、又は前記リンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列の遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、第１のＮＬＳ、ＤＮＡ結合ドメイン、リンカー、ＲＴドメイン、及び第２のＮＬＳを含み、ここで、リンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つ、又は前記リンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列の遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインである。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端メチオニン残基を更に含む。

【０４８１】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、Ｎ末端メチオニン残基、第１の核局在化シグナル（ＮＬＳ）（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つ及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、ＤＮＡ結合ドメイン（例えば、表８に列挙される、例えば、Ｃａｓドメイン、例えば、ＳｐｙＣａｓ９ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；又は配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又

は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、リンカー（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、ＲＴドメイン（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）、及び第２のＮＬＳ（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチド又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）の１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、又は６つ全て）を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、（例えば、Ｃ末端から第２のＮＬＳにかけて）Ｔ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列（例えば、配列番号１～７７４３のいずれか１つの及び／又は表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を更に含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載される）をコードする核酸は、Ｔ２Ａ配列をコードし、例えば、Ｔ２Ａ配列は、遺伝子組換えポリペプチドをコードする領域と第２の領域との間に位置し、第２の領域は、任意選択で、選択可能なマーカ、例えば、ピューロマイシンをコードする。

【０４８２】

特定の実施形態では、第１のＮＬＳは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドの第１のＮＬＳ配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの第１のＮＬＳ配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳ配列は、Ｃ－ｍｙｃ　ＮＬＳを含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳは、アミノ酸配列ＰＡＡＫＲＶＫＬＤ（配列番号１１，０９５）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４８３】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第１のＮＬＳとＤＮＡ結合ドメインとの間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳとＤＮＡ結合ドメインとの間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、第１のＮＬＳとＤＮＡ結合ドメインとの間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＧを含む。

【０４８４】

特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＤＮＡ結合ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、Ｃａｓドメイン（例えば、表８に列挙される）を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、ＳｐｙＣａｓ９ポリペプチド（例えば、表８に列挙される、例えば、Ｃａｓ９　Ｎ８６３Ａポ

リペプチド）のアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインは、アミノ酸配列：

【化９】

DKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRR
YTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKK
LVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAI
LSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQ
IGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIF
FDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHA
ILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSF
IERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTV
KQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREM
IEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDS
LTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQ
KGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHI
VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSEL
DKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNY
HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEIT
LANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIA
RKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVK
KDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQ
HKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTI
DRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD ( 配列番号 : 11,096)

又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４８５】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＤＮＡ結合ドメインとリンカーとのスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインとリンカーとのスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、ＤＮＡ結合ドメインとリンカーとのスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＧを含む。

【０４８６】

特定の実施形態では、リンカーは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表１若しくは１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４８７】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカーとＲＴドメインとの間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、リンカーとＲＴドメインとの間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、リンカーとＲＴドメインとの間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＧを含む。

【０４８８】

特定の実施形態では、ＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子

組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表１又は６に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、約４００～５００、５００～６００、６００～７００、７００～８００、８００～９００、又は９００～１０００アミノ酸の長さを有する。

【０４８９】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインと第２のＮＬＳとの間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＡＧを含む。

【０４９０】

特定の実施形態では、第２のＮＬＳは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドの第２のＮＬＳ配列を含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドの第２のＮＬＳ配列を含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳは、配列は、複数の部分的ＮＬＳ配列を含む。複数の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、例えば、アミノ酸配列ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥ（配列番号１１，０９７）を含む第１の部分的ＮＬＳ配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、第２の部分的ＮＬＳ配列を含む。複数の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、例えば、アミノ酸配列ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号１１，０９８）を含む、ＳＶ４０Ａ５　ＮＬＳ、例えば、双節型ＳＶ４０Ａ５　ＮＬＳ、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＮＬＳ配列、例えば、第２のＮＬＳ配列は、アミノ酸配列ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号１１，０９９）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４９１】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第２のＮＬＳ及びＴ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列の間のスペーサー配列を更に含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳ及びＴ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列の間のスペーサー配列は、１、２、３、４、５、６、７、８、９、又は１０アミノ酸を含む。特定の実施形態では、第２のＮＬＳ及びＴ２Ａ配列及び／又はピューロマイシン配列の間のスペーサー配列は、アミノ酸配列ＧＳＧを含む。

【０４９２】

リンカー及びＲＴドメイン

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、リンカー（例えば、本明細書に記載される）及びＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端からＣ末端の順に、リンカー（例えば、本明細書に記載される）及びＲＴドメイン（例えば、本明細書に記載される）を含む。

【０４９３】

特定の実施形態では、リンカーは、表１０に列挙されるリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する

アミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ａ１に列挙される例示的な遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｔ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｔ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、リンカーは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー配列又

はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０４９４】

特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表６に列挙されるＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ１に列挙される例示的な遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｔ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｔ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ３に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ４に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ５に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ６に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ７に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ８に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ９に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１０に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１１に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ｄ１２に列挙される配列番号のアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９

９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。
【０４９５】
一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドの部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。
【０４９６】
一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー、又は前記リンカーに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー、又は前記リンカーに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのリンカー、又は前記リンカーに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカーを含む。
【０４９７】
一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン、又は前記ＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン、又は前記ＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つの遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン、又は前記ＲＴドメインに対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むＲＴドメインを含む。
【０４９８】
特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも８０％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカー及びＲＴドメインに対して少

なくとも９９％の同一性を有するリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号６００１～７７４３のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号４５０１～４５４１のいずれか１つのアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかの単一の行からの（例えば、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙される単一の例示的な遺伝子組換えポリペプチドからの）リンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。

【０４９９】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、配列番号１～７７４３から選択される２つの異なるアミノ酸配列からのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのリンカー及びＲＴドメインは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかの異なる行からのリンカー及びＲＴドメインのアミノ酸配列（又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列）を含む。

【０５００】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、本明細書に記載される、第１のＮＬＳ（例えば、５’ＮＬＳ）を更に含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、例えば、本明細書に記載される、第２のＮＬＳ（例えば、３’ＮＬＳ）を更に含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、Ｎ末端メチオニン残基を更に含む。

【０５０１】

ＲＴファミリー及び突然変異体

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、ＸＭＲＶ６、ＢＬＶＡＵ、ＢＬＶＪ、ＨＴＬ１Ａ、ＨＴＬ１Ｃ、ＨＴＬ１Ｌ、ＨＴＬ３２、ＨＴＬ３Ｐ、ＨＴＬＶ２、ＪＳＲＶ、ＭＬＶＦ５、ＭＬＶＲＤ、ＭＭＴＶＢ、ＭＰＭＶ、ＳＦＶＣＰ、ＳＭＲＶＨ、ＳＲＶ１、ＳＲＶ２、及びＷＤＳＶから選択されるファミリーからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６から選択されるファミリーからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。

【０５０２】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴドメインからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム１に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム３（ＭＬＶＭＳ）に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ２

のカラム１及び２に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸位置、又はそれに対応するアミノ酸位置における１つ又は複数の点突然変異を含む。

【０５０３】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴドメインからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム２に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ１のカラム４（ＡＶＩＲＥ）に列挙される１つ又は複数の点突然変異、又はそれに対応する点突然変異を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメイン配列のアミノ酸配列は、表Ｍ２のカラム３及び４に列挙されるＲＴドメインのアミノ酸位置、又はそれに対応するアミノ酸位置における１つ又は複数の点突然変異を含む。特定の実施形態では、ＲＴドメインは、（例えば、Ｃ末端に）ＩＥＮＳＳＰ（配列番号１５４６５）を含む。

【０５０４】

【表Ｍ１】

表M1. MLVMS及びAVIRE RTドメインにおける例示的な点突然変異

| RT-リンカーファイリング (MLVMS) | 対応するAVIRE | MLVMS (PLV4921) | AVIRE (PLV10990) |
|---|---|---|---|
| | | H8Y | |
| P51L | Q51L | | |
| S67R | T67R | | |
| E67K | E67K | | |
| E69K | E69K | | |
| T197A | T197A | | |
| D200N | D200N | D200N | D200N |
| H204R | N204R | | |
| E302K | E302K | | |
| | | T306K | T306K |
| F309N | Y309N | | |
| W313F | W313F | W313F | W313F |
| T330P | G330P | T330P | G330P |
| L435G | T436G | | |
| N454K | N455K | | |
| D524G | D526G | | |
| E562Q | E564Q | | |
| D583N | D585N | | |
| H594Q | H596Q | | |
| L603W | L605W | L603W | L605W |
| D653N | D655N | | |
| L671P | L673P | | |
| | | C-termにおけるIENSSP(配列番号 15465) | |

【０５０５】

【表Ｍ２】

表M2. 例示的なMLVMS及びAVIRE RTドメインにおいて突然変異され得る位置

| WT残基及び位置 | | | |
|---|---|---|---|
| MLVMS aa | MLVMS 位置番号 * | AVIRE aa | AVIRE 位置番号 * |
| H | 8 | Y | 8 |
| P | 51 | Q | 51 |
| S | 67 | T | 67 |
| E | 69 | E | 69 |
| T | 197 | T | 197 |
| D | 200 | D | 200 |
| H | 204 | N | 204 |
| E | 302 | E | 302 |
| T | 306 | T | 306 |
| F | 309 | Y | 309 |
| W | 313 | W | 313 |
| T | 330 | G | 330 |
| L | 435 | T | 436 |
| N | 454 | N | 455 |
| D | 524 | D | 526 |
| E | 562 | E | 564 |
| D | 583 | D | 585 |
| H | 594 | H | 596 |
| L | 603 | L | 605 |
| D | 653 | D | 655 |
| L | 671 | S | 673 |

【０５０６】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ガンマレトロウイルス由来ＲＴドメインを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのガンマレトロウイルス由来ＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６から選択されるファミリーからのＲＴドメイン配列のアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのガンマレトロウイルス由来ＲＴドメインは、ＰＥＲＶに由来しない。一部の実施形態では、前記ＲＴは、表２に示され、マウス白血病ウイルス逆転写酵素のＲＴドメインにおける突然変異Ｄ２００Ｎ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３３０Ｐ、Ｄ５２４Ｇ、Ｅ５６２Ｑ、Ｄ５８３Ｎ、Ｐ５１Ｌ、Ｓ６７Ｒ、Ｅ６７Ｋ、Ｔ１９７Ａ、Ｈ２０４Ｒ、Ｅ３０２Ｋ、Ｆ３０９Ｎ、Ｗ３１３Ｆ、Ｌ４３５Ｇ、Ｎ４５４Ｋ、Ｈ５９４Ｑ、Ｌ６７１Ｐ、Ｅ６９Ｋ、又はＤ６５３Ｎに対応する１、２、３、４、５、６つ又はそれ以上の突然変異を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３のいずれか１つのリンカードメインに対して少なくとも９９％の同一性を有するリンカーを更に含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号５２１７又は配列番号１１，０４１に対して少なくとも９９％又は１００％の同一性を有するリンカーを更に含む。

【０５０７】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＡＶＩＲＥ＿Ｐ０３３６０配列、例えば、配列番号８００１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、Ｌ６０５Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＡＶＩＲＥ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｇ３３０Ｐ、及びＬ６０５Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＡＶＩＲＥ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５０８】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＢＡＥＶＭ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配

列（例えば、ＢＡＥＶＭ＿Ｐ１０２７２配列、例えば、配列番号８００４）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、Ｌ６０２Ｗ、Ｔ３０４Ｋ、及びＷ３１１Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＢＡＥＶＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、及びＬ６０２Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＢＡＥＶＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５０９】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＦＦＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＦＦＶ＿Ｏ９３２０９配列、例えば、配列番号８０１２）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２１Ｎ、Ｔ２９３Ｎ、Ｔ４１９Ｐ、及びＬ３９３Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２１Ｎ、Ｔ２９３Ｎ、及びＴ４１９Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ２１Ｎを更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ、Ｔ３３３Ｐ、及びＬ３０７Ｋからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ及びＴ３３３Ｐからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＦＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１０】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＦＬＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＦＬＶ＿Ｐ１０２７３配列、例えば、配列番号８０１９）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９９Ｎ、Ｌ６０２Ｗ、Ｔ３０５Ｋ、及びＷ３１２Ｆからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９９Ｎ及びＬ６０２Ｗからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１１】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＦＯＡＭＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＦＯＡＭＶ＿Ｐ１４３５０配列、例えば、配列番号８０２１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、Ｓ４２０Ｐ、及びＬ３９６Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、及びＳ４２０Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ２４Ｎ、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ、Ｓ３３１Ｐ、及びＬ３０７Ｋからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ２０７Ｎ及びＳ３３１

Ｐからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＦＯＡＭＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１２】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＧＡＬＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＧＡＬＶ＿Ｐ２１４１４配列、例えば、配列番号８０２７）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、Ｌ６００Ｗ、Ｔ３０４Ｋ、及びＷ３１１Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、及びＬ６００Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１３】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＫＯＲＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＫＯＲＶ＿Ｑ９ＴＴＣ１配列、例えば、配列番号８０４７）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ３２Ｎ、Ｄ３２２Ｎ、Ｅ４５２Ｐ、Ｌ２７４Ｗ、Ｔ４２８Ｋ、及びＷ４３５Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、５、又は６つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ３２Ｎ、Ｄ３２２Ｎ、Ｅ４５２Ｐ、及びＬ２７４Ｗからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ３２Ｎを更に含むＧＡＬＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２３１Ｎ、Ｅ３６１Ｐ、Ｌ６３３Ｗ、Ｔ３３７Ｋ、及びＷ３４４Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＫＯＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２３１Ｎ、Ｅ３６１Ｐ、及びＬ６３３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＫＯＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１４】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＡＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＡＶ＿Ｐ０３３５６配列、例えば、配列番号８０５３）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＡＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＡＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１５】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＢＭ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＢＭ＿Ｑ７ＳＶＫ７配列、例えば、配列番号８０５６）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９９Ｎ、Ｔ３２９Ｐ、Ｌ６０２Ｗ、Ｔ３０５Ｋ、及びＷ３１２Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＢＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、及び３つの突然変異、又

は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＢＭ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１６】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＣＢ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＣＢ＿Ｐ０８３６１配列、例えば、配列番号８０６２）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＣＢ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、及び３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＣＢ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１７】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＦＦ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＦＦ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、及び３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＦＦ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１８】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＭＬＶＭＳ＿参照配列、例えば、配列番号８１３７；又はＭＬＶＭＳ＿Ｐ０３３５５配列、例えば、配列番号８０７０）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、Ｗ３１３Ｆ、及びＨ８Ｙからなる群から選択される１、２、３、４、５、又は６つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＭＳ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＭＳ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＭＬＶＭＳ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５１９】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＰＥＲＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２配列、例えば、配列番号８０９９）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９６Ｎ、Ｅ３２６Ｐ、Ｌ５９９Ｗ、Ｔ３０２Ｋ、及びＷ３０９Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＰＥＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９６Ｎ、Ｅ３２６Ｐ、及びＬ５９９Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＰＥＲＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２０】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＳＦＶ１　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＳＦＶ１＿Ｐ２３０７４配列、例えば、配列番号８１０５）、又はそれと少な

くとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、Ｎ４２０Ｐ、及びＬ３９６Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ１　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、及びＮ４２０Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ１　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ１　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２１】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＳＦＶ３Ｌ＿Ｐ２７４０１配列、例えば、配列番号８１１１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、Ｎ４２２Ｐ、及びＬ３９６Ｋからなる群から選択される１、２、３、又は４つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２４Ｎ、Ｔ２９６Ｎ、及びＮ４２２Ｐからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、突然変異Ｄ２４Ｎ、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ３０７Ｎ、Ｎ３３３Ｐ、及びＬ３０７Ｋからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｔ３０７Ｎ及びＮ３３３Ｐからなる群から選択される１つ又は２つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＳＦＶ３Ｌ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２２】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＷＭＳＶ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＷＭＳＶ＿Ｐ０３３５９配列、例えば、配列番号８１３１）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、Ｌ６００Ｗ、Ｔ３０４Ｋ、及びＷ３１１Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＷＭＳＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ１９８Ｎ、Ｅ３２８Ｐ、及びＬ６００Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＷＭＳＶ　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２３】

複数の実施形態では、ＲＴドメインは、ＸＭＲＶ６　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列（例えば、ＸＭＲＶ６＿Ａ１Ｚ６５１配列、例えば、配列番号８１３４）、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、Ｌ６０３Ｗ、Ｔ３０６Ｋ、及びＷ３１３Ｆからなる群から選択される１、２、３、４、又は５つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＸＭＲＶ６　ＲＴのアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、ＲＴドメインは、Ｄ２００Ｎ、Ｔ３３０Ｐ、及びＬ６０３Ｗからなる群から選択される１、２、又は３つの突然変異、又は相同ＲＴドメインにおける対応する位置を更に含むＸＭＲＶ６　ＲＴのアミノ酸配列を含む。

【０５２４】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、ＡＶＩＲＥ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、

９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ５のカラム１に列挙される配列に含まれるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号５２１７又は配列番号１１，０４１に対して少なくとも９９％又は１００％の同一性を有するリンカーを更に含む。

【０５２５】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインは、ＭＬＶＭＳ　ＲＴのＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。複数の実施形態では、ＲＴドメインは、表Ａ５のカラム２～６のいずれかに列挙される配列に含まれるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号５２１７又は配列番号１１，０４１に対して少なくとも９９％又は１００％の同一性を有するリンカーを更に含む。

【０５２６】

【表Ａ５－１】

表A5. AVIRE RTドメイン又はMLVMS RTドメインを含む例示的な遺伝子組換えポリペプチド。

| AVIRE配列番号 | MLVMS 配列番号 | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 2704 | 3007 | 3038 | 2638 | 2930 |
| 2 | 2706 | 3007 | 3038 | 2639 | 2930 |
| 3 | 2708 | 3008 | 3039 | 2639 | 2931 |
| 4 | 2709 | 3008 | 3039 | 2640 | 2931 |
| 5 | 2709 | 3009 | 3040 | 2640 | 2932 |
| 6 | 2710 | 3010 | 3040 | 2641 | 2932 |
| 7 | 2957 | 3010 | 3041 | 2641 | 2933 |
| 9 | 2957 | 3011 | 3041 | 2642 | 2933 |
| 10 | 2958 | 3012 | 3042 | 2642 | 2934 |
| 12 | 2959 | 3012 | 3042 | 2643 | 2934 |
| 13 | 2960 | 3013 | 3043 | 2643 | 2935 |
| 14 | 2962 | 3013 | 3043 | 2644 | 2935 |
| 6076 | 6042 | 3014 | 3044 | 2644 | 2936 |
| 6143 | 6068 | 3014 | 3044 | 2645 | 2936 |
| 6200 | 6097 | 3015 | 3045 | 2645 | 2937 |
| 6254 | 6136 | 3015 | 3045 | 2646 | 2937 |
| 6274 | 6156 | 3016 | 3046 | 2646 | 2938 |

【０５２７】

【表Ａ５－２】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 6315 | 6215 | 3016 | 3046 | 2647 | 2938 |
| 6328 | 6216 | 3017 | 3047 | 2647 | 2939 |
| 6337 | 6301 | 3018 | 3047 | 2648 | 2939 |
| 6403 | 6352 | 3018 | 3048 | 2648 | 2940 |
| 6420 | 6365 | 3019 | 3048 | 2649 | 2940 |
| 6440 | 6411 | 3019 | 3049 | 2649 | 2941 |
| 6513 | 6436 | 3020 | 3049 | 2650 | 2941 |
| 6552 | 6458 | 3020 | 3050 | 2650 | 2942 |
| 6613 | 6459 | 3021 | 3051 | 2651 | 2942 |
| 6671 | 6524 | 3021 | 3051 | 2651 | 2943 |
| 6822 | 6562 | 3022 | 3052 | 2652 | 2943 |
| 6840 | 6563 | 3023 | 3052 | 2652 | 2944 |
| 6884 | 6699 | 3023 | 3053 | 2653 | 2945 |
| 6907 | 6865 | 3024 | 3053 | 2653 | 2945 |
| 6970 | 7022 | 3024 | 3054 | 2654 | 2946 |
| 7025 | 7037 | 3025 | 3054 | 2655 | 2946 |
| 7052 | 7088 | 3025 | 3055 | 2655 | 2947 |
| 7078 | 7116 | 3026 | 3055 | 2656 | 2947 |
| 7243 | 7175 | 3026 | 3056 | 2656 | 2948 |
| 7253 | 7200 | 3027 | 3056 | 2657 | 2948 |
| 7318 | 7206 | 3027 | 3057 | 2657 | 2949 |
| 7379 | 7277 | 3028 | 3057 | 2658 | 2949 |
| 7486 | 7294 | 3028 | 3058 | 2658 | 2950 |
| 7524 | 7330 | 3029 | 3058 | 2659 | 2950 |
| 7668 | 7411 | 3030 | 3059 | 2659 | 2951 |
| 7680 | 7455 | 3030 | 3059 | 2660 | 2951 |
| 7720 | 7477 | 3031 | 3060 | 2660 | 2952 |
| 1137 | 7511 | 3031 | 3060 | 2661 | 2952 |
| 1138 | 7538 | 3032 | 3061 | 2661 | 2953 |
| 1139 | 7559 | 3032 | 3061 | 2662 | 2953 |
| 1140 | 7560 | 3033 | 3062 | 2662 | 2954 |
| 1141 | 7593 | 3033 | 3062 | 2663 | 2954 |
| 1142 | 7594 | 3034 | 3063 | 2663 | 2955 |
| 1143 | 7607 | 3034 | 3063 | 2664 | 2955 |
| 1144 | 7623 | 6025 | 3064 | 2664 | 6485 |
| 1145 | 7638 | 6041 | 3064 | 2665 | 6486 |
| 1146 | 7717 | 6043 | 3065 | 2665 | 6504 |
| 1147 | 7731 | 6098 | 3065 | 2666 | 6505 |
| 1148 | 7732 | 6099 | 3066 | 2666 | 6595 |
| 1149 | 2711 | 6180 | 3066 | 2667 | 6596 |
| 1150 | 2711 | 6182 | 3067 | 2667 | 6751 |

【０５２８】

【表Ａ５－３】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 1151 | 2712 | 6237 | 3067 | 2668 | 6752 |
| 1152 | 2712 | 6238 | 3068 | 2668 | 6777 |
| 1153 | 2713 | 6311 | 3068 | 2669 | 6778 |
| 1154 | 2713 | 6312 | 3069 | 2669 | 7172 |
| 1155 | 2714 | 6578 | 3069 | 2670 | 7174 |
| 1156 | 2714 | 6579 | 3070 | 2670 | 7313 |
| 1157 | 2715 | 6663 | 3070 | 2671 | 7314 |
| 1158 | 2715 | 6664 | 3071 | 2671 | |
| 1159 | 2716 | 6708 | 3071 | 2672 | |
| 1160 | 2716 | 6709 | 3072 | 2672 | |
| 1161 | 2717 | 6809 | 3072 | 2673 | |
| 1162 | 2717 | 6831 | 3073 | 2673 | |
| 1163 | 2718 | 6832 | 3073 | 2674 | |
| 1164 | 2718 | 6864 | 3074 | 2674 | |
| 1165 | 2719 | 6866 | 3074 | 2675 | |
| 1166 | 2719 | 7089 | 3075 | 2675 | |
| 1167 | 2720 | 7157 | 3075 | 2676 | |
| 6015 | 2720 | 7159 | 3076 | 2676 | |
| 6029 | 2721 | 7173 | 3076 | 2677 | |
| 6045 | 2721 | 7176 | 3077 | 2677 | |
| 6077 | 2722 | 7293 | 3077 | 2678 | |
| 6129 | 2722 | 7295 | 3078 | 2678 | |
| 6144 | 2723 | 7343 | 3078 | 2679 | |
| 6164 | 2723 | 7393 | 3079 | 2680 | |
| 6201 | 2724 | 7394 | 3079 | 2680 | |
| 6227 | 2724 | 7425 | 3080 | 2681 | |
| 6244 | 2725 | 7426 | 3080 | 2681 | |
| 6250 | 2725 | 7444 | 3081 | 2682 | |
| 6264 | 2726 | 7445 | 3081 | 2682 | |
| 6289 | 2726 | 7476 | 3082 | 2683 | |
| 6304 | 2727 | 7478 | 3082 | 2683 | |
| 6316 | 2727 | 7496 | 3083 | 2684 | |
| 6384 | 2728 | 7497 | 3083 | 2684 | |
| 6421 | 2728 | 7537 | 3084 | 2685 | |
| 6441 | 2729 | 7539 | 3084 | 2685 | |
| 6492 | 2729 | 2780 | 3085 | 2686 | |
| 6514 | 2730 | 2780 | 3085 | 2686 | |
| 6530 | 2730 | 2781 | 3086 | 2687 | |
| 6569 | 2731 | 2781 | 3086 | 2687 | |
| 6584 | 2731 | 2782 | 3087 | 2688 | |
| 6621 | 2732 | 2782 | 3087 | 2688 | |

【０５２９】

【表Ａ５－４】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 6651 | 2732 | 2783 | 3088 | 2689 | |
| 6659 | 2733 | 2783 | 3088 | 2689 | |
| 6683 | 2734 | 2784 | 3089 | 2690 | |
| 6703 | 2734 | 2784 | 3089 | 2690 | |
| 6727 | 2735 | 2785 | 3090 | 2691 | |
| 6732 | 2735 | 2785 | 3090 | 2692 | |
| 6745 | 2736 | 2786 | 3091 | 2692 | |
| 6755 | 2736 | 2786 | 3091 | 2693 | |
| 6784 | 2737 | 2787 | 3092 | 2693 | |
| 6817 | 2737 | 2787 | 3092 | 2694 | |
| 6823 | 2738 | 2788 | 3093 | 2694 | |
| 6841 | 2739 | 2788 | 3093 | 2695 | |
| 6871 | 2740 | 2789 | 3094 | 2695 | |
| 6885 | 2740 | 2789 | 3095 | 2696 | |
| 6898 | 2741 | 2790 | 3095 | 2696 | |
| 6908 | 2741 | 2790 | 3096 | 2697 | |
| 6933 | 2742 | 2791 | 3096 | 2697 | |
| 6971 | 2742 | 2791 | 3097 | 2698 | |
| 7009 | 2743 | 2792 | 3097 | 2698 | |
| 7018 | 2743 | 2792 | 3098 | 2699 | |
| 7045 | 2744 | 2793 | 3098 | 2699 | |
| 7053 | 2744 | 2793 | 3099 | 2700 | |
| 7068 | 2745 | 2794 | 3099 | 2700 | |
| 7079 | 2745 | 2794 | 3100 | 2701 | |
| 7096 | 2746 | 2795 | 3100 | 2701 | |
| 7104 | 2746 | 2795 | 3101 | 2702 | |
| 7122 | 2747 | 2796 | 3101 | 2702 | |
| 7151 | 2747 | 2796 | 3102 | 2703 | |
| 7163 | 2748 | 2797 | 3102 | 2703 | |
| 7181 | 2748 | 2797 | 3103 | 2862 | |
| 7244 | 2749 | 2798 | 3103 | 2862 | |
| 7273 | 2750 | 2798 | 3104 | 2863 | |
| 7319 | 2750 | 2799 | 3104 | 2863 | |
| 7336 | 2751 | 2799 | 3105 | 2864 | |
| 7380 | 2751 | 2800 | 3105 | 2864 | |
| 7402 | 2752 | 2800 | 3106 | 2865 | |
| 7462 | 2752 | 2801 | 3106 | 2865 | |
| 7487 | 2753 | 2801 | 3107 | 2866 | |
| 7525 | 2753 | 2802 | 3107 | 2866 | |
| 7569 | 2754 | 2802 | 3108 | 2867 | |
| 7626 | 2754 | 2803 | 3108 | 2867 | |

【０５３０】

【表Ａ５－５】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 7689 | 2755 | 2803 | 3109 | 2868 | |
| 7707 | 2755 | 2804 | 3109 | 2868 | |
| 7721 | 2756 | 2804 | 3110 | 2869 | |
| 1371 | 2756 | 2805 | 3110 | 2869 | |
| 1372 | 2757 | 2805 | 3111 | 2870 | |
| 1373 | 2758 | 2806 | 3111 | 2870 | |
| 1374 | 2758 | 2806 | 3112 | 2871 | |
| 1375 | 2759 | 2807 | 3112 | 2871 | |
| 1376 | 2759 | 2807 | 3113 | 2872 | |
| 1377 | 2760 | 2808 | 3113 | 2872 | |
| 1378 | 2760 | 2808 | 3114 | 2873 | |
| 1379 | 2761 | 2809 | 3114 | 2873 | |
| 1380 | 2761 | 2809 | 3115 | 2874 | |
| 1381 | 2762 | 2810 | 3115 | 2874 | |
| 1382 | 2762 | 2810 | 3116 | 2875 | |
| 1383 | 2763 | 2811 | 3116 | 2875 | |
| 1384 | 2763 | 2811 | 3117 | 2876 | |
| 1385 | 2764 | 2812 | 3117 | 2876 | |
| 1386 | 2764 | 2812 | 3118 | 2877 | |
| 1387 | 2765 | 2813 | 3118 | 2877 | |
| 1388 | 2765 | 2813 | 3119 | 2878 | |
| 1389 | 2766 | 2814 | 3119 | 2878 | |
| 1390 | 2766 | 2814 | 3120 | 2879 | |
| 1391 | 2767 | 2815 | 3120 | 2879 | |
| 1392 | 2767 | 2815 | 3121 | 2880 | |
| 1393 | 2768 | 2816 | 3121 | 2880 | |
| 1394 | 2768 | 2816 | 3122 | 2881 | |
| 1395 | 2769 | 2817 | 3122 | 2881 | |
| 1396 | 2769 | 2817 | 3123 | 2882 | |
| 1397 | 2770 | 2818 | 3123 | 2882 | |
| 1398 | 2770 | 2818 | 3124 | 2883 | |
| 1399 | 2771 | 2819 | 3124 | 2883 | |
| 1400 | 2771 | 2819 | 3125 | 2884 | |
| 1401 | 2772 | 2820 | 3125 | 2884 | |
| 1402 | 2773 | 2820 | 3126 | 2885 | |
| 1403 | 2773 | 2821 | 3126 | 2885 | |
| 1404 | 2774 | 2821 | 3127 | 2886 | |
| 1405 | 2774 | 2822 | 3127 | 2886 | |
| 1406 | 2775 | 2822 | 3128 | 2887 | |
| 1407 | 2775 | 2823 | 3128 | 2887 | |
| 1408 | 2776 | 2823 | 3129 | 2888 | |

【０５３１】

【表Ａ５－６】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 1409 | 2776 | 2824 | 3129 | 2888 | |
| 1410 | 2777 | 2824 | 3130 | 2889 | |
| 1411 | 2777 | 2825 | 3130 | 2889 | |
| 1412 | 2778 | 2825 | 3131 | 2890 | |
| 1413 | 2779 | 2826 | 3131 | 2890 | |
| 1414 | 2779 | 2826 | 3132 | 2891 | |
| 1415 | 2965 | 2827 | 3133 | 2891 | |
| 1416 | 2965 | 2827 | 3133 | 2892 | |
| 1417 | 2966 | 2828 | 3134 | 2893 | |
| 1418 | 2966 | 2828 | 3134 | 2893 | |
| 1419 | 2967 | 2829 | 3135 | 2894 | |
| 1420 | 2968 | 2829 | 3135 | 2894 | |
| 1421 | 2968 | 2830 | 3136 | 2895 | |
| 1422 | 2969 | 2830 | 3136 | 2895 | |
| 1423 | 2969 | 2831 | 6181 | 2896 | |
| 1424 | 2970 | 2831 | 6183 | 2896 | |
| 1425 | 2970 | 2832 | 6284 | 2897 | |
| 1426 | 2971 | 2832 | 6285 | 2897 | |
| 1427 | 2971 | 2833 | 6760 | 2898 | |
| 1428 | 2972 | 2833 | 6761 | 2898 | |
| 1429 | 2972 | 2834 | 7036 | 2899 | |
| 1430 | 2973 | 2834 | 7038 | 2899 | |
| 1431 | 2974 | 2835 | 7158 | 2900 | |
| 1432 | 2974 | 2835 | 7160 | 2900 | |
| 1433 | 2975 | 2836 | 2610 | 2901 | |
| 1434 | 2976 | 2836 | 2610 | 2901 | |
| 1435 | 2976 | 2837 | 2611 | 2902 | |
| 1436 | 2977 | 2837 | 2611 | 2902 | |
| 1437 | 2977 | 2838 | 2612 | 2903 | |
| 1439 | 2978 | 2838 | 2612 | 2903 | |
| 1440 | 2978 | 2839 | 2613 | 2904 | |
| 1441 | 2979 | 2839 | 2613 | 2904 | |
| 1442 | 2979 | 2840 | 2614 | 2905 | |
| 1443 | 2980 | 2840 | 2614 | 2905 | |
| 1444 | 2980 | 2841 | 2615 | 2906 | |
| 1445 | 2981 | 2841 | 2615 | 2906 | |
| 1446 | 2981 | 2842 | 2616 | 2907 | |
| 1447 | 2982 | 2842 | 2616 | 2907 | |
| 6001 | 2982 | 2843 | 2617 | 2908 | |
| 6030 | 2983 | 2843 | 2617 | 2908 | |
| 6078 | 2983 | 2844 | 2618 | 2909 | |

【０５３２】

【表Ａ５－７】

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 6108 | 2984 | 2844 | 2618 | 2909 | |
| 6130 | 2985 | 2845 | 2619 | 2910 | |
| 6165 | 2985 | 2845 | 2619 | 2910 | |
| 6265 | 2986 | 2846 | 2620 | 2911 | |
| 6275 | 2987 | 2846 | 2620 | 2911 | |
| 6305 | 2987 | 2847 | 2621 | 2912 | |
| 6329 | 2988 | 2847 | 2621 | 2912 | |
| 6370 | 2988 | 2848 | 2622 | 2913 | |
| 6385 | 2989 | 2848 | 2622 | 2913 | |
| 6404 | 2989 | 2849 | 2623 | 2914 | |
| 6531 | 2990 | 2849 | 2623 | 2914 | |
| 6585 | 2990 | 2850 | 2624 | 2915 | |
| 6622 | 2991 | 2850 | 2624 | 2915 | |
| 6652 | 2991 | 2851 | 2625 | 2916 | |
| 6733 | 2992 | 2851 | 2625 | 2916 | |
| 6756 | 2992 | 2852 | 2626 | 2917 | |
| 6765 | 2993 | 2852 | 2626 | 2917 | |
| 6798 | 2993 | 2853 | 2627 | 2918 | |
| 6824 | 2994 | 2853 | 2627 | 2919 | |
| 6972 | 2994 | 2854 | 2628 | 2919 | |
| 7046 | 2995 | 2854 | 2628 | 2920 | |
| 7054 | 2995 | 2855 | 2629 | 2920 | |
| 7069 | 2996 | 2855 | 2629 | 2921 | |
| 7080 | 2996 | 2856 | 2630 | 2921 | |
| 7105 | 2997 | 2856 | 2630 | 2922 | |
| 7123 | 2998 | 2857 | 2631 | 2922 | |
| 7143 | 2998 | 2857 | 2631 | 2923 | |
| 7152 | 2999 | 2858 | 2632 | 2923 | |
| 7204 | 2999 | 2858 | 2632 | 2924 | |
| 7320 | 3001 | 2859 | 2633 | 2924 | |
| 7351 | 3001 | 2859 | 2633 | 2925 | |
| 7381 | 3002 | 2860 | 2634 | 2925 | |
| 7403 | 3002 | 2860 | 2634 | 2926 | |
| 7438 | 3003 | 2861 | 2635 | 2926 | |
| 7488 | 3003 | 2861 | 2635 | 2927 | |
| 7500 | 3004 | 3035 | 2636 | 2927 | |
| 7526 | 3004 | 3036 | 2636 | 2928 | |
| 7588 | 3005 | 3036 | 2637 | 2928 | |
| 7612 | 3005 | 3037 | 2637 | 2929 | |
| 7627 | 3006 | 3037 | 2638 | 2929 | |

【０５３３】

システム

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子（例えば、本明細書に記載される）及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ、例えば、本明細書に記載される）を含むシステムに関する。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、本明細書に記載される核酸分子と比べて、コード領域における（例えば、ＲＴドメインをコードする配列における）１つ又は複数のサイレント突然変異を含む。特定の実施形態では、システムは、ｇＲＮＡ（例えば、例えば、遺伝子組換えポリペプチドによって結合された標的ＤＮＡの反対側の鎖中にニックを誘導するポリペプチドに結合するｇＲＮＡ）を更に含む。

【０５３４】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７

０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチド、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列をコードする。

【０５３５】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列の部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドの部分をコードする配列を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５３６】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのリンカーをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５３７】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形

態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子は、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５３８】

一態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載される）及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ、例えば、本明細書に記載される）を含むシステムに関する。

【０５３９】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチド、又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４０】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列の部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列の部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドの部分を含み、ここで、部分は、リンカー及びＲＴドメイン、又は前記部分に対して少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４１】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカーをコードする配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドのリンカ

ーをコードする配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４２】

特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号１～７７４３から選択されるアミノ酸配列のＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号６００１～７７４３から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４５０１～４５４１から選択されるアミノ酸配列を有するポリペプチドのＲＴドメインをコードする配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、表Ａ１、Ｔ１、Ｔ２若しくはＤ１～Ｄ１２のいずれかに列挙されるポリペプチドのＲＴドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む。

【０５４３】

【表Ａ１－１】

表A1. RTドメイン及びリンカー配列を含む遺伝子組換えポリペプチドについての例示的なアミノ酸配列

| 配列番号 | アミノ酸配列 |
|---|---|
| 34 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>PTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE<br>VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR<br>LAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 35 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG<br>RTGQLIWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |

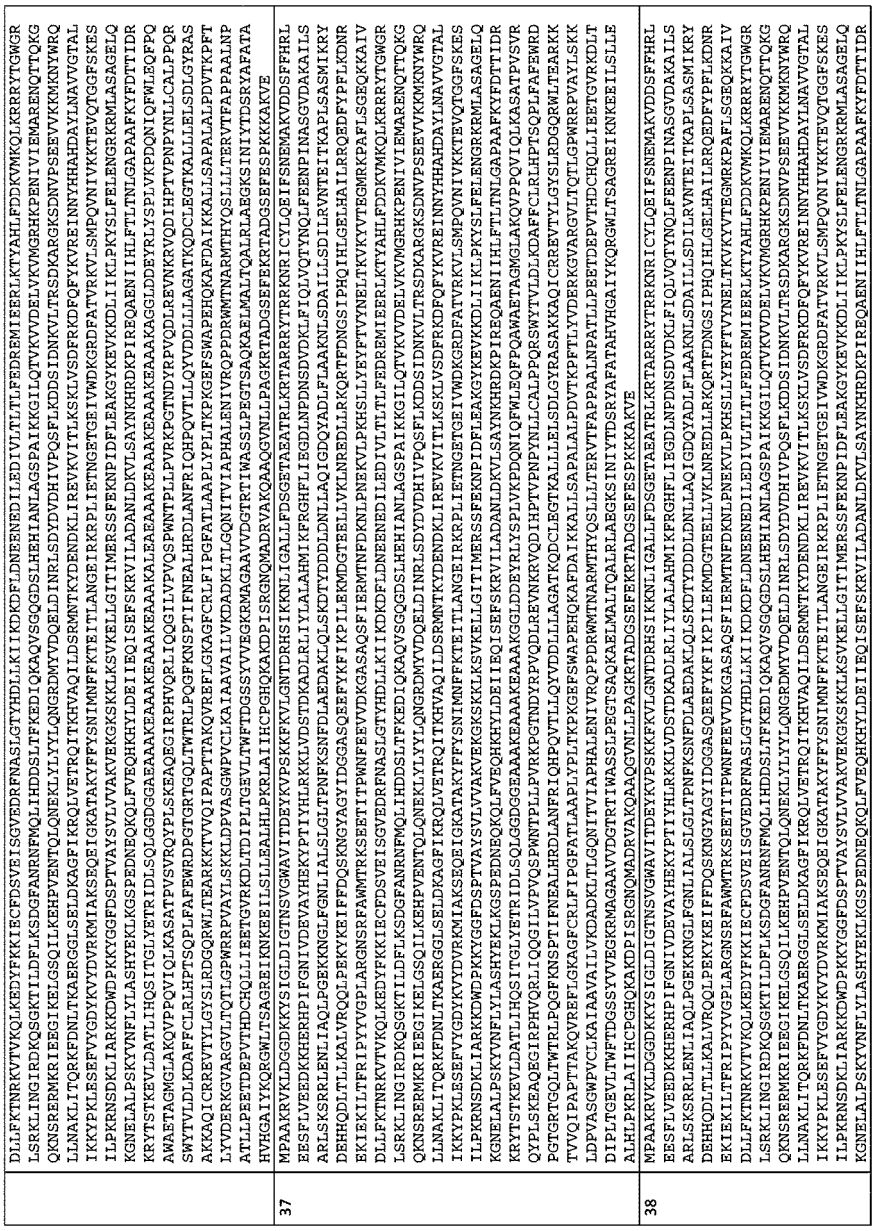
【０５４４】

【表Ａ１－２】

| | |
|---|---|
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 35 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKKDAAKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 36 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKKDAAKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKKDAAKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR<br>SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRAS<br>AKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFT<br>LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNP<br>ATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATA<br>HVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 36 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５４５】

【表Ａ１－３】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKAGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQ |
| | AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR |
| | SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVRBFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGBFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT |
| | ATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITDIPLTGEVLTWFTDGSSIYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATA |
| | HVHGAIYKQRGWLTSAGPEIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 37 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | QYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKK |
| | TVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGBFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSIYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSBFESPKKKAKVE |
| 38 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５４６】

【表Ａ１－４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQRGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 39 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQL |
| | KASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTS |
| | QPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDG |
| | QRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLI |
| | EETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIK |
| | NKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 40 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQYPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５４７】

【表Ａ１－５】

| | |
|---|---|
| 40 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | TGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKSEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 41 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKSEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 41 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５４８】

【表Ａ１－６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 43 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 47 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |

【０５４９】

【表Ａ１－７】

| | |
|---|---|
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNTTVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 48 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 49 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKPAPGGLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 51 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５５０】

【表Ａ１－８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVR |
| | QYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKK |
| | TVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 62 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 65 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５５１】

【表Ａ１－９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 83 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 90 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSV |
| | RQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARK |
| | KTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK |

【０５５２】

【表Ａ１－１０】

| | |
|---|---|
| | KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTSRVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDL |
| | TDIPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLL |
| | EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 97 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFQAQAAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | SVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | WRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEAR |
| | RKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKKGEPSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK |
| | DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILS |
| | LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 112 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFQAQAAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEPSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 113 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５５３】

【表Ａ１－１１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTLQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVVDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLASGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 113 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTLQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVVDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLASGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０５５４】

【表Ａ１－１２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEVRLYSPLVKPPQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ<br>VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF<br>CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY<br>LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGBFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV<br>LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT<br>HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL<br>TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ<br>VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF<br>CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTY<br>LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGBFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV<br>LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT<br>HDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL<br>TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGBFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |

【０５５５】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－１３】

| | |
|---|---|
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTTWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTE<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTTWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 122 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSETPGTSESATPESGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATP<br>VSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTE<br>ARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVR<br>KDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEIL<br>SLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 123 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５５６】

【表Ａ１－１４】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 124 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGNPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 126 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMIASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５５７】

【表Ａ１－１５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGIAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPFVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 127 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 133 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGIAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPFVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５５８】

【表Ａ１－１６】

| | |
|---|---|
| 138 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPQVTIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEPSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGRBIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 139 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPQVTIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEPSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGRBIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 140 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５５９】

【表Ａ１－１７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSGGSGGSETPGTSESATPESSGGSGGSGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGL |
| | AKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDA |
| | AFPCLRLHPTSQPLPAFBWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRRE |
| | VTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVA |
| | RGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDDE |
| | PVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQR |
| | GWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 141 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSGGSGGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 142 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGSGGSGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |

【０５６０】

【表Ａ１－１８】

| | |
|---|---|
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATIAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 142 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATIAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 144 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGGTLQLDDEYRLIYSPLVKPDQNIQFWLEQFFQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 147 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５６１】

10

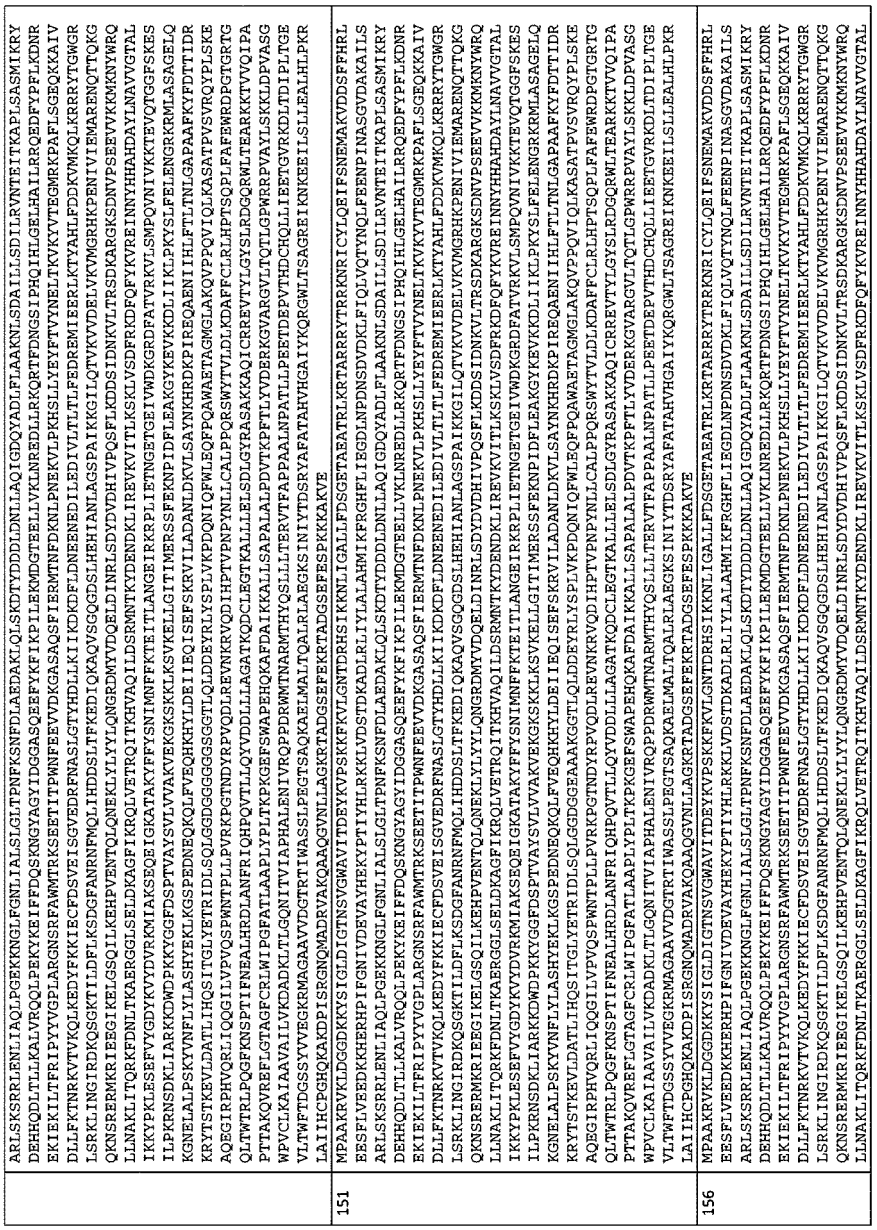
20

30

40

50

【表Ａ１－１９】



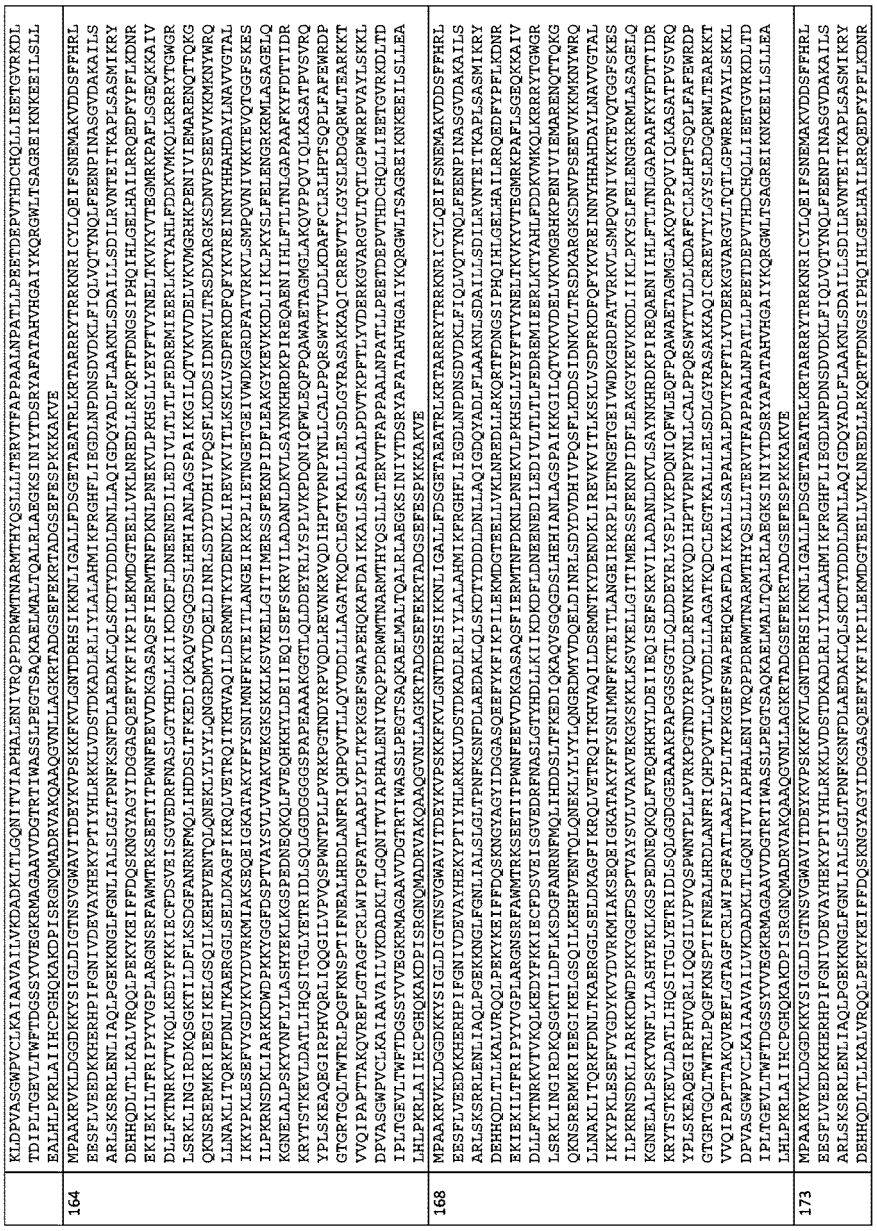
【０５６２】

【表Ａ１－２０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGIlVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYVAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 156 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGIlVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYVAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 157 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGIlVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYVAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGIlVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYVAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSV |
| | RQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARK |
| | KTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSK |

【０５６３】

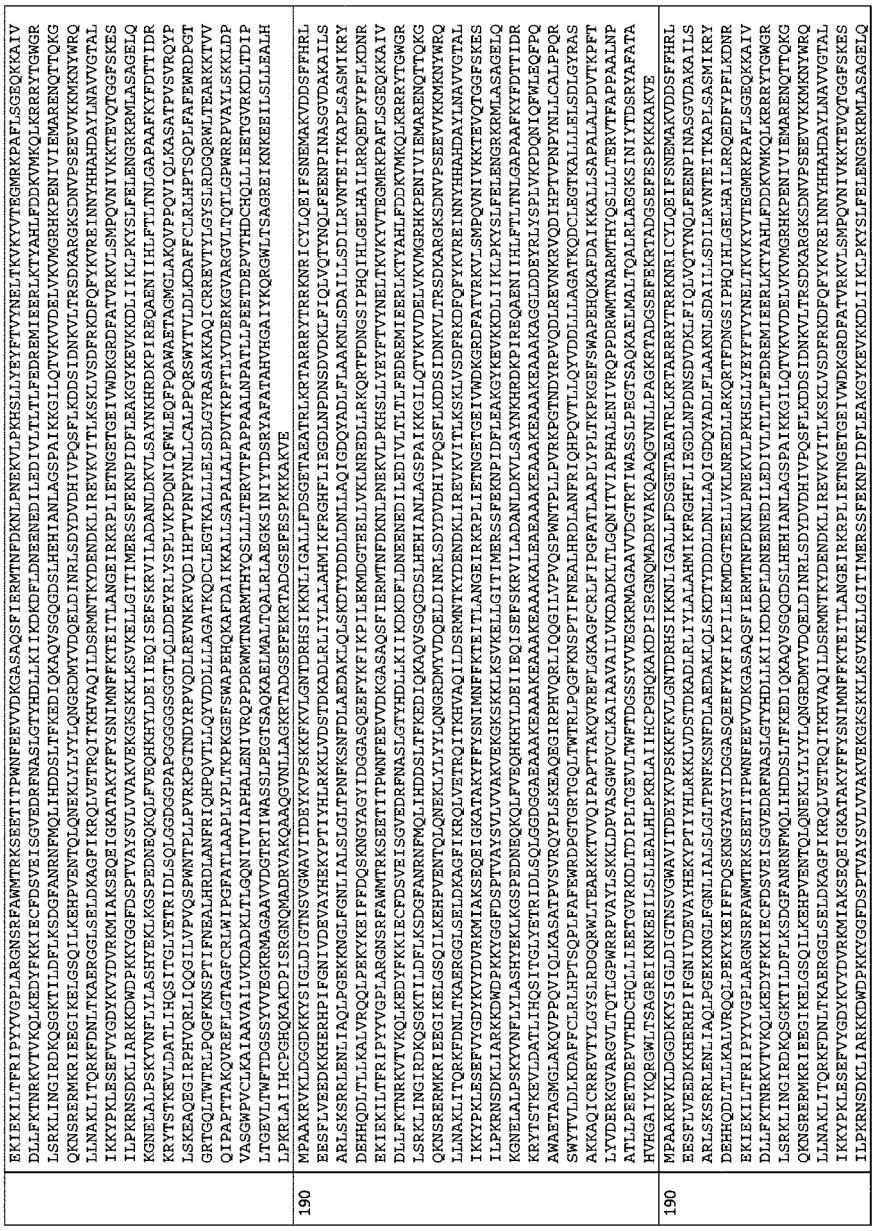
【表Ａ１－２１】



| | |
|---|---|
| | KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTSRVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDL |
| | TDIPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLL |
| | EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 164 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPPAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATIAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 168 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPPAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATIAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 173 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５６４】

【表Ａ１－２２】



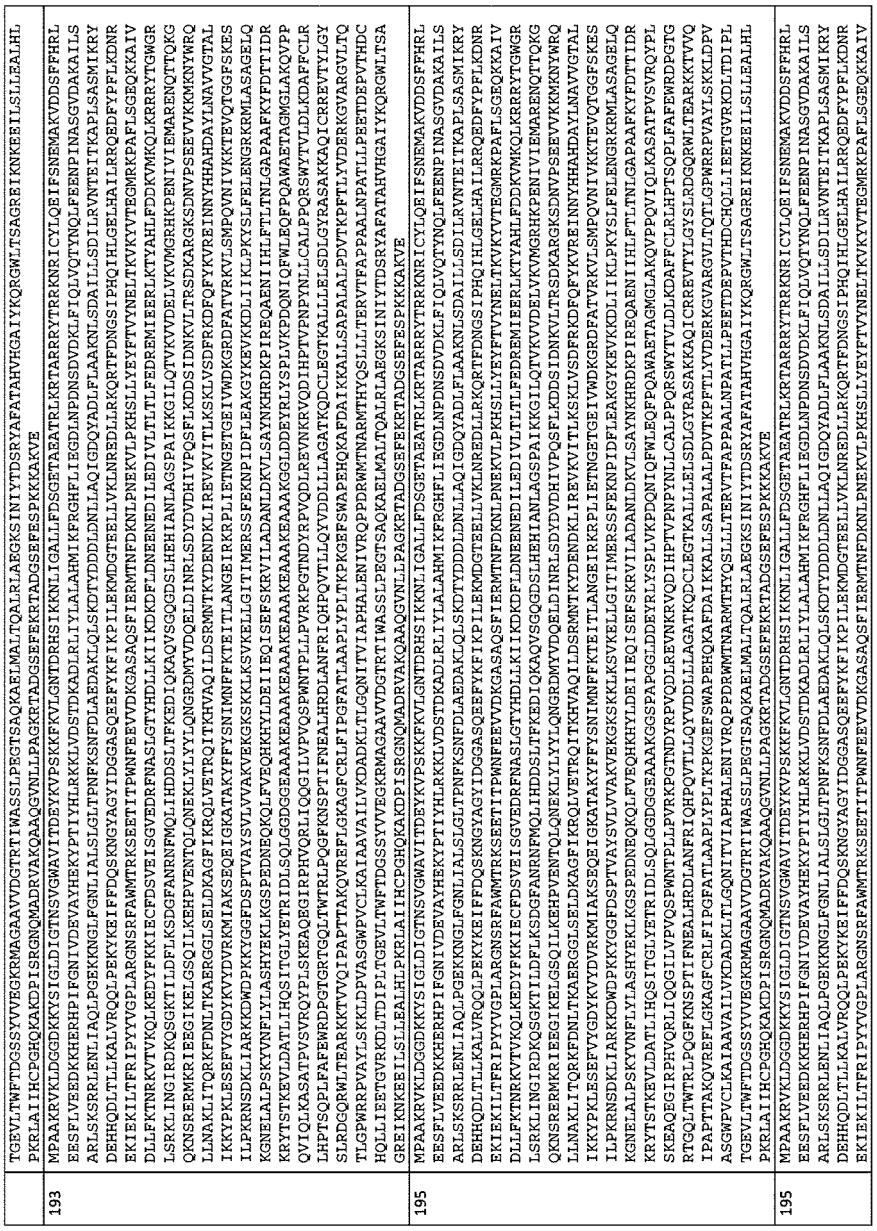
| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSGGTLQLDDPYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYIRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAVLVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVKQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 190 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSGGTLQLDDPYRLYSPLVKPDQNTQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP<br>AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYIRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR<br>SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRAS<br>AKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFT<br>LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVKQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNP<br>ATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATA<br>HVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 190 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０５６５】

【表Ａ１－２３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQ |
| | AWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQR |
| | SWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTVLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRAS |
| | AKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFT |
| | LYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNP |
| | ATLLPEETDEFVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKBEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 191 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGS

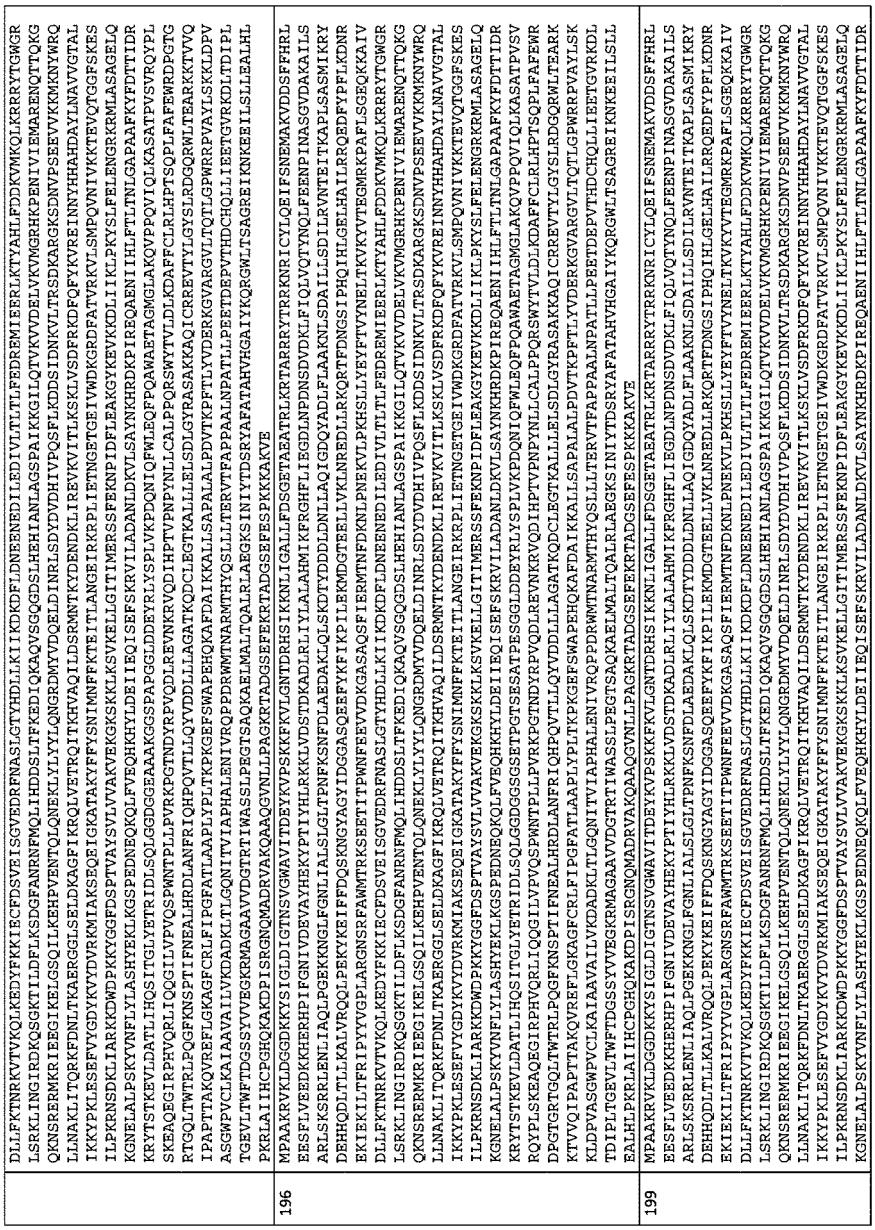
【表Ａ１－２４】



| | |
|---|---|
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 193 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPP |
| | QVIQLKASATPVSRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | LHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | SLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | TLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDC |
| | HQLLIEETGVKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSA |
| | GREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 195 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSPAPGGTLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 195 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５６７】

【表Ａ１－２５】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLDDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWABTAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPFVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWWTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 196 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 199 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５６８】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－２６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGRAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLITDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 199 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５６９】

【表Ａ１－２７】

| | |
|---|---|
| 207 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK<br>EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP<br>APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPGKEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS<br>GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAFPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG<br>EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK<br>RLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 208 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK<br>EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP<br>APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPGKEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS<br>GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAFPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG<br>EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK<br>RLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 212 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５７０】

【表Ａ１－２８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVALLVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGRBIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 213 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVR |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVALLVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGRBIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 216 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVR |
| | QYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

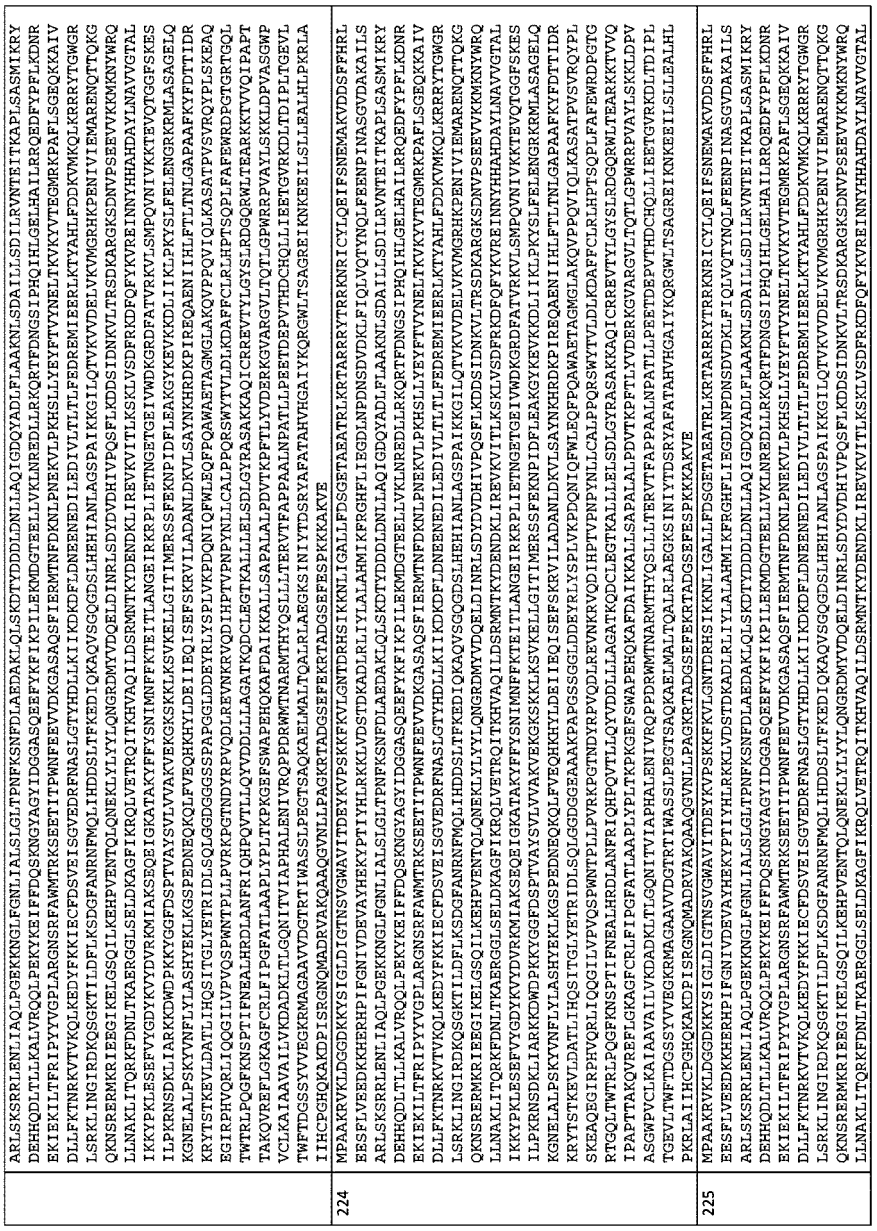
【０５７１】

【表Ａ１－２９】

| | |
|---|---|
| | PGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDIANFRIQHPQVTLLQVVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKK |
| | TTVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLT |
| | DIPLTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLE |
| | ALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 217 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDIANFRIQHPQVTLLQVVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 219 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE |
| | AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQVVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA |
| | PTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE |
| | VLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 223 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５７２】

【表Ａ１－３０】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNILAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGSLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTRGQL<br>TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLEISDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT<br>TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP<br>VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 224 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNILAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGSLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL<br>SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG<br>RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLEISDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ<br>IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL<br>TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL<br>PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 225 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNILAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

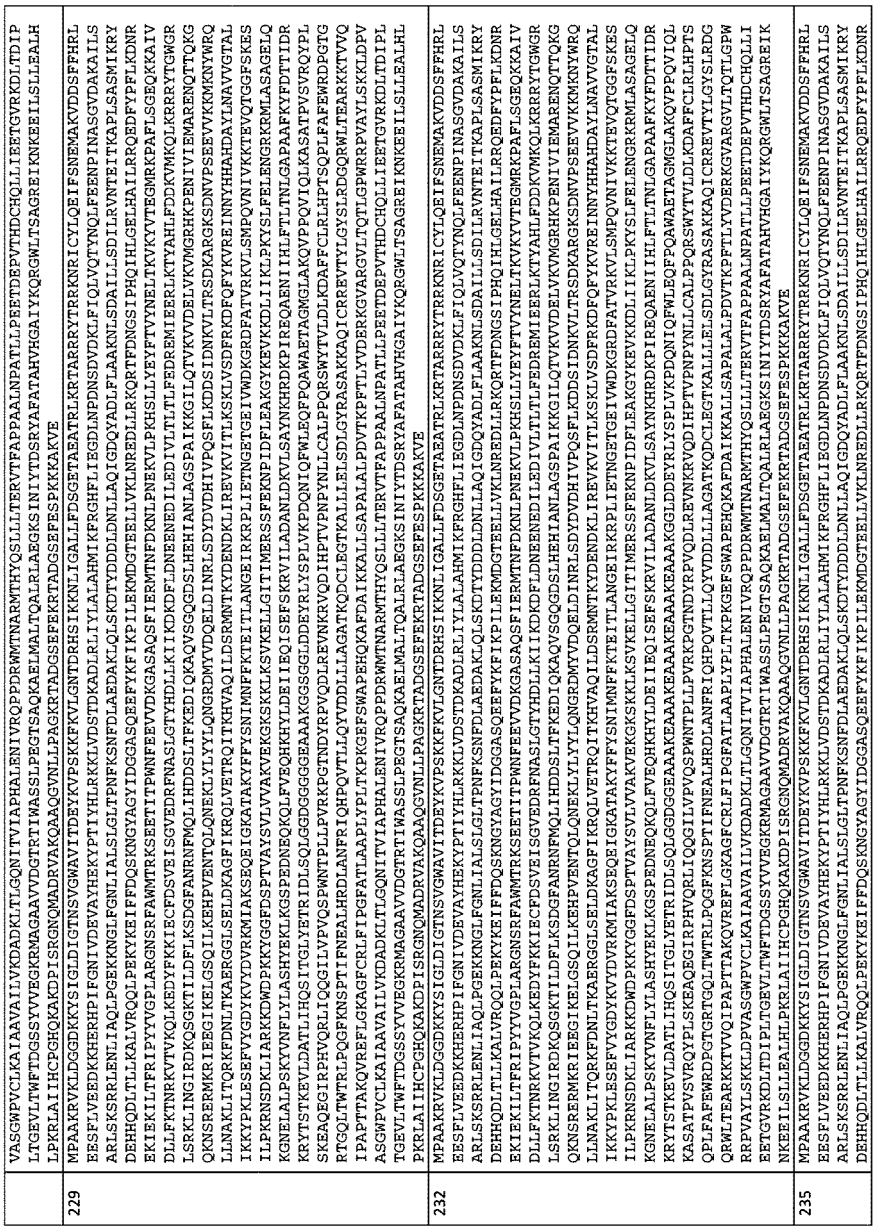
【０５７３】

【表Ａ１－３１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 228 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 228 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |

【０５７４】

【表Ａ１－３２】



| | |
|---|---|
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 229 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQL |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQVTDDLILKAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDG |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 232 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRIIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQL |
| | KASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGPNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTS |
| | QPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQVTDDLILKAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDG |
| | QRWLTEARKKTVQIPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLI |
| | EETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIK |
| | NKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 235 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５７５】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－３３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 239 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 252 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

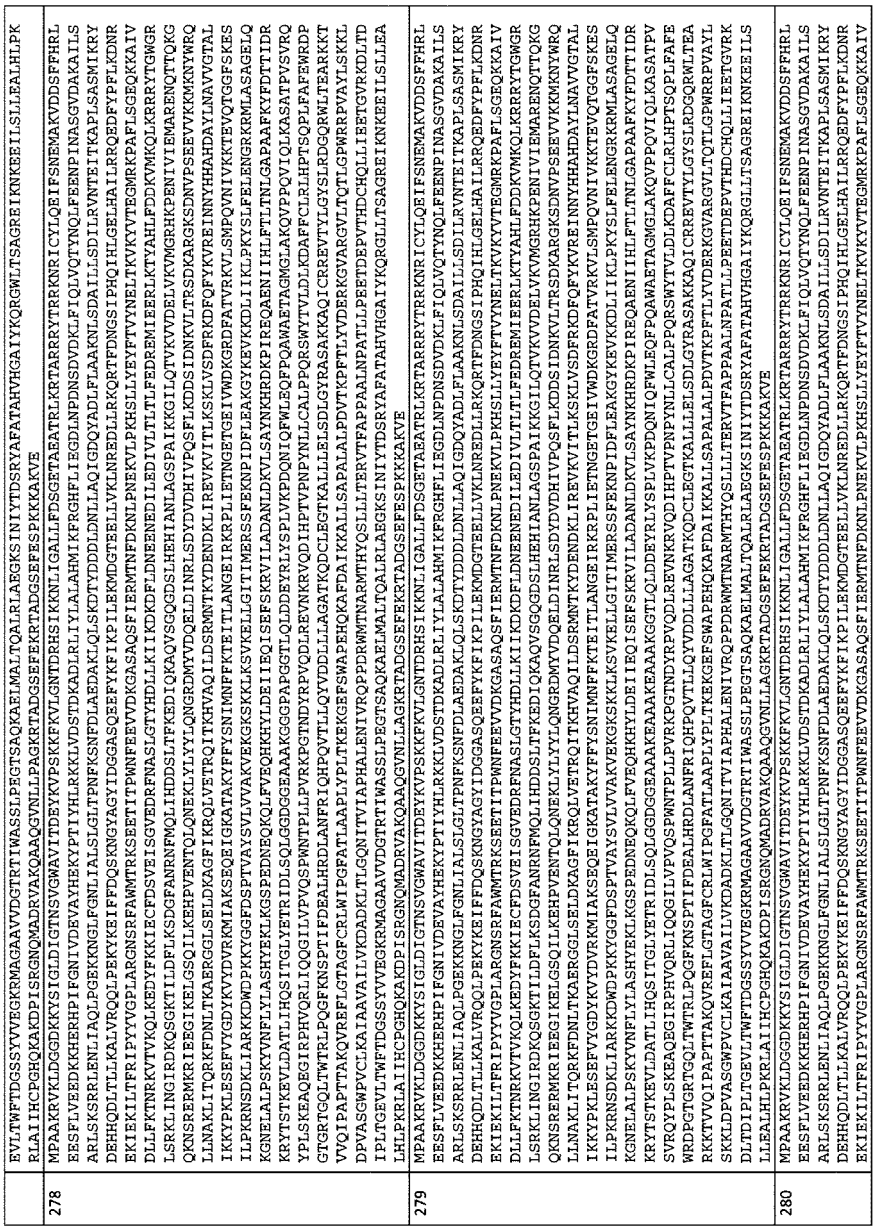
【０５７６】

【表Ａ１－３４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQ |
| | EGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPT |
| | TAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWP |
| | VCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNTTVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVL |
| | TWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLA |
| | IIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 258 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGSGGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 268 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGSGGLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |

【０５７７】

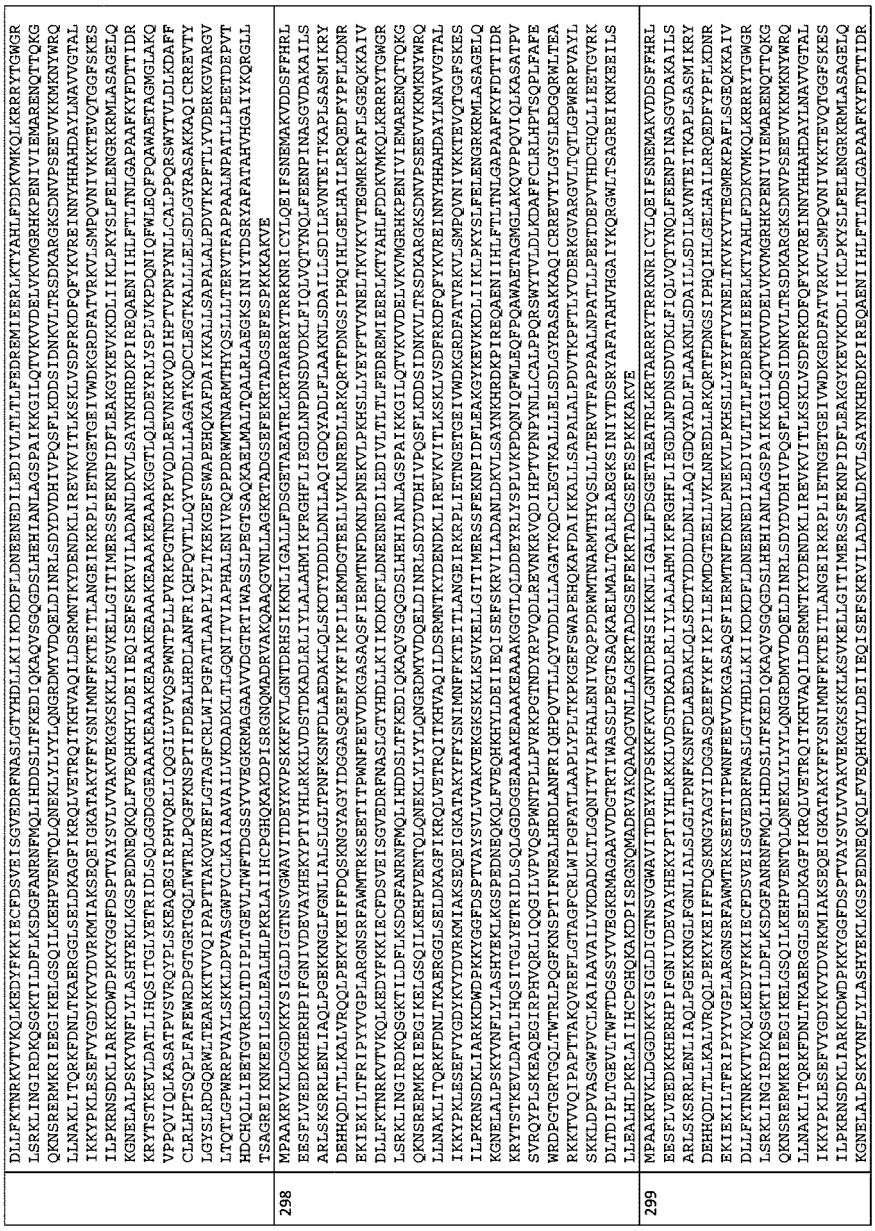
【表Ａ１－３５】



| | |
|---|---|
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 278 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEGGGPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPITGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 279 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPPQVIQLKASATPV |
| | SVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEA |
| | RKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK |
| | DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILS |
| | LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 280 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５７８】

【表Ａ１－３６】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKBAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPEGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFDEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKEKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGLLTSAGREIKNKEEILS |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| 298 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPV |
| | SVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEA |
| | RKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRK |
| | DLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILS |
| | LLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 299 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５７９】

【表Ａ１－３７】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATIAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAAILNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 300 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLVYDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRVAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 300 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLDDEYRLVSPLVKPDQNIQFWLEQ |
| | FPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALP |
| | PQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLELSDLGY |
| | RASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTK |
| | PFTLVYDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAA |
| | LNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRVAF |
| | ATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５８０】

【表Ａ１－３８】

| | |
|---|---|
| 302 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTDLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPQVTIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQI<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVA<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDE<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQR<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 303 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTDLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVFPQVTIQLKASATPVSVRQ<br>AKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKD<br>AFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRRE<br>VTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVA<br>RGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDE<br>PVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQR<br>GWLTSAGREIKNKBEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 304 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５８１】

【表Ａ１－３９】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 305 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQVPL |
| | SKEAQEGIRPKVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 306 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQVPL |
| | SKEAQEGIRPKVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |

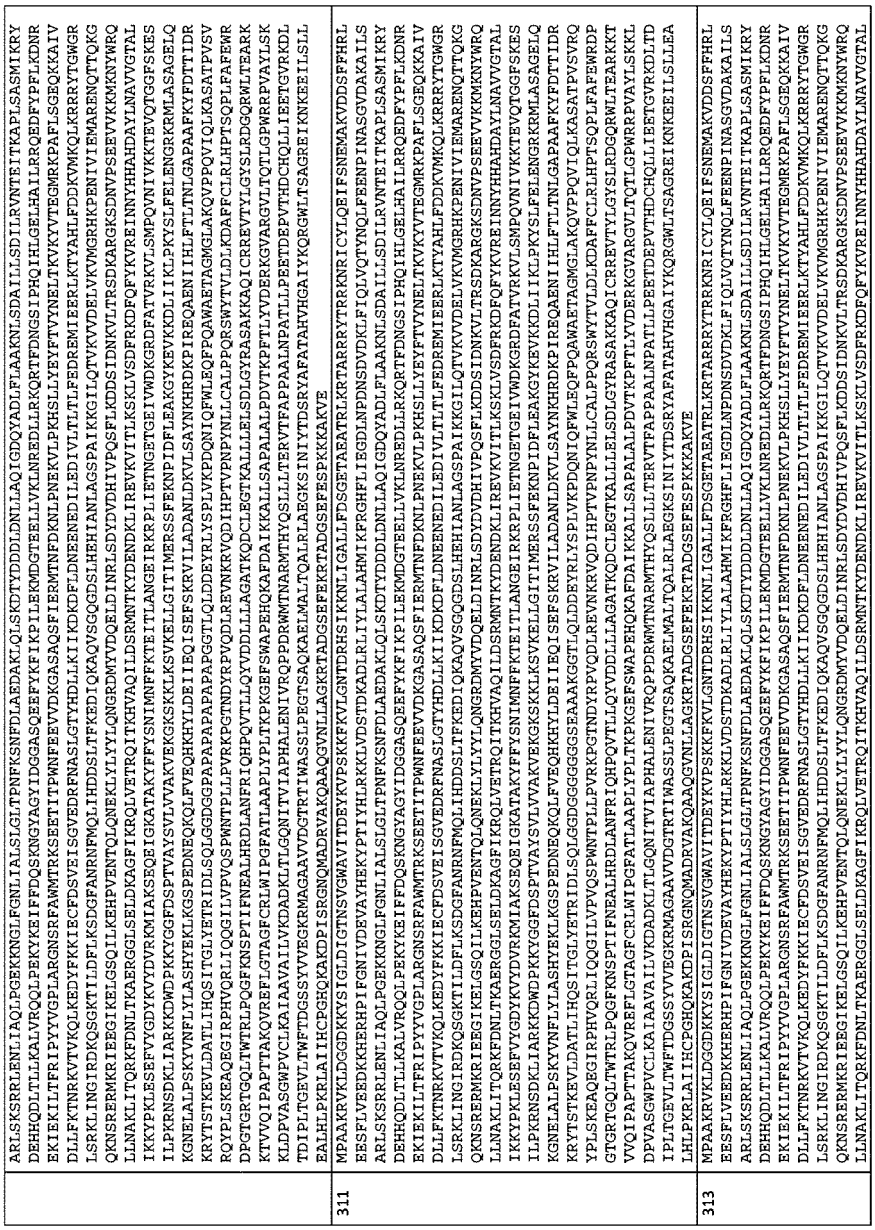
【０５８２】

【表Ａ１－４０】

| | |
|---|---|
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 307 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRVAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 308 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE |
| | AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA |
| | PTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE |
| | VLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRVAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 309 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５８３】

【表Ａ１－４１】



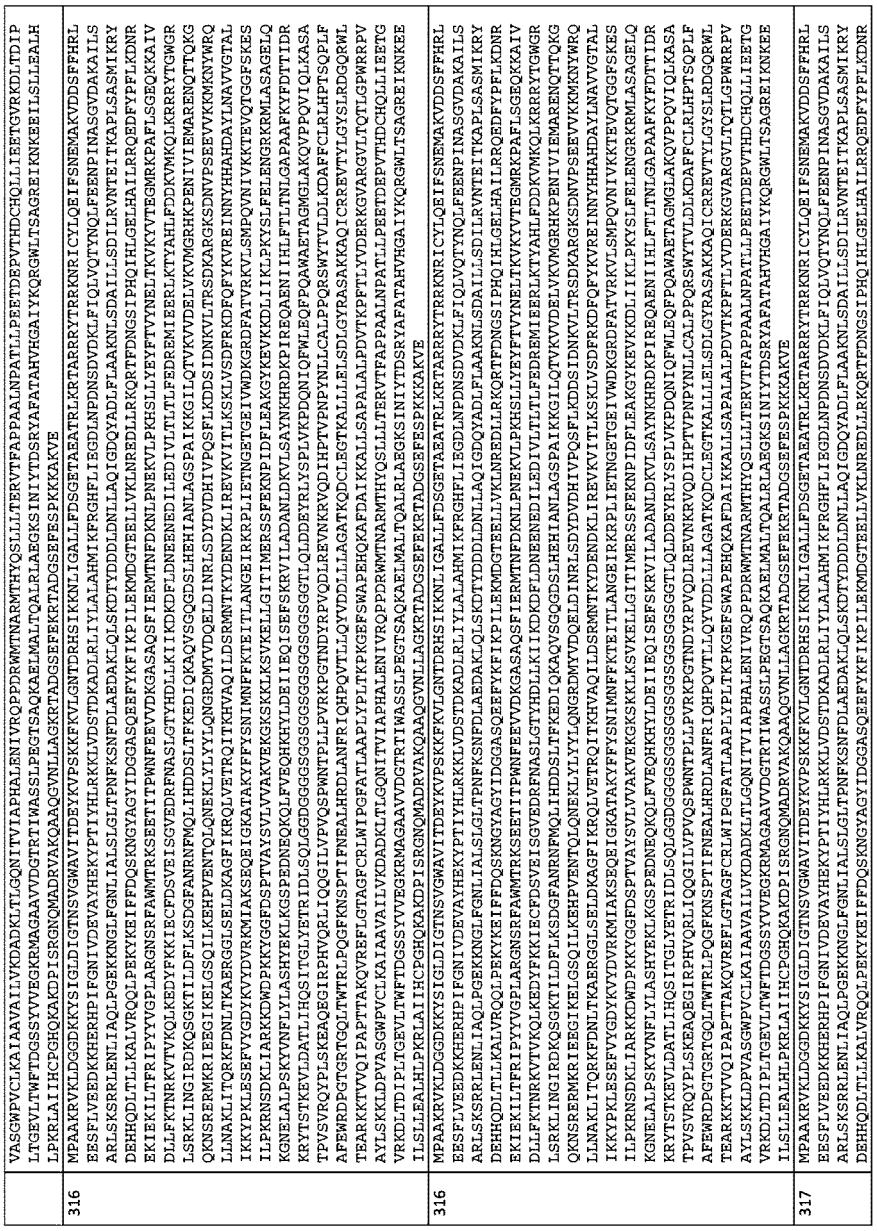
| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSV |
| | RQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLEISDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKT |
| | KTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | KLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDL |
| | TDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLL |
| | EALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 311 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLEISDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 313 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５８４】

【表Ａ１－４２】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWVTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLITDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 313 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQ |
| | VPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWVTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTY |
| | LGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGV |
| | LTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVT |
| | HDCHQLLIEETGVRKDLITDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWL |
| | TSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 314 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTAR

【表Ａ１－４３】



| | |
|---|---|
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 316 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGTGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVILQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 316 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGTGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVILQLKASA |
| | TPVSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPVNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYTVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLKDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETG |
| | VRKDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEE |
| | ILSLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 317 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０５８６】

【表Ａ１－４４】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRELVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 317 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGEAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRELVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 318 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０５８７】

【表Ａ１－４５】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVRBFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 318 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVRBFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 319 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVRBFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |

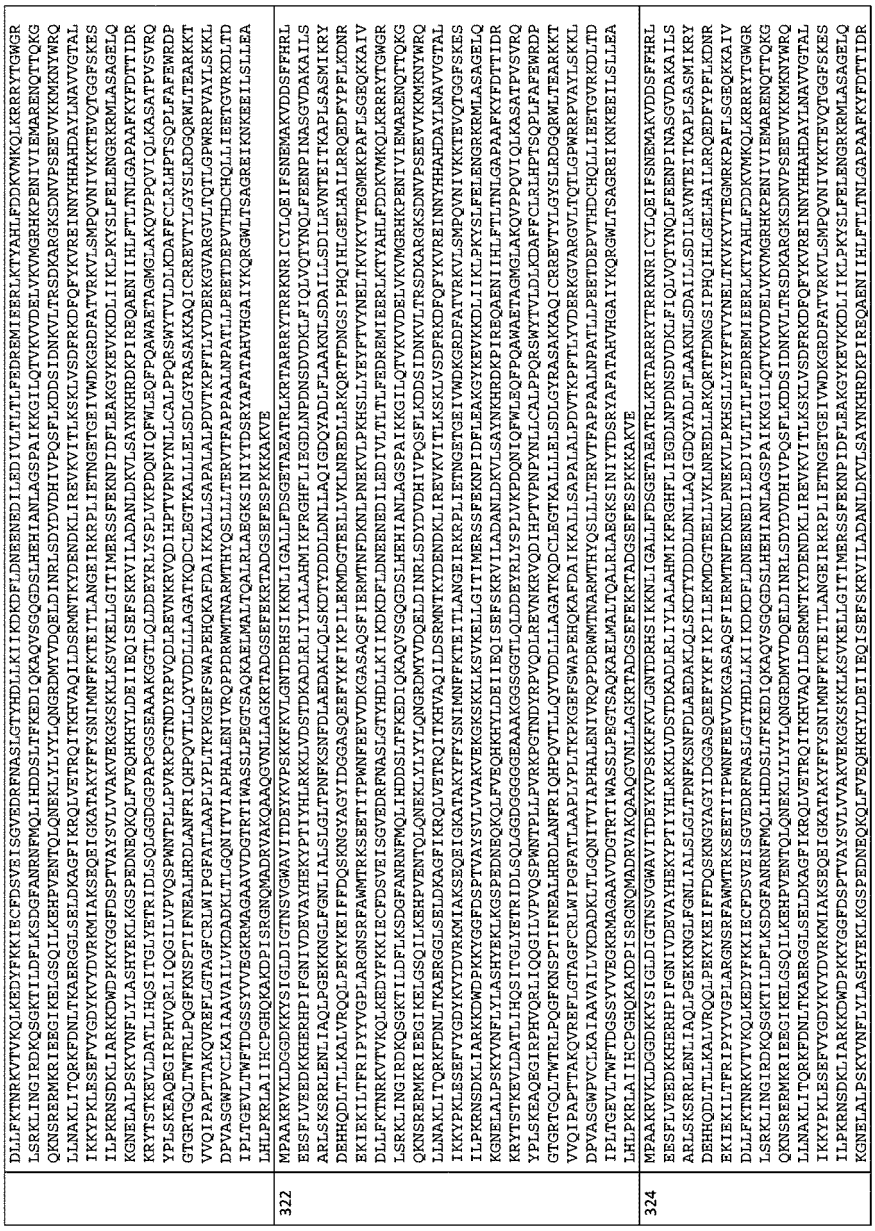
【０５８８】

【表Ａ１－４６】

| | |
|---|---|
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTTWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 320 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFFQPAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP<br>LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT<br>GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV<br>QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP<br>LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH<br>LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 320 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFFQPAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP<br>LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT<br>GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV<br>QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP<br>LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH<br>LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 321 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０５８９】

【表Ａ１－４７】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFFLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 322 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGEAAAKGSGSGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFFLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 324 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０５９０】

【表Ａ１－４８】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRSVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALIENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 328 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRTYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTLQLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATP |
| | VSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRSVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTE |
| | ARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVR |
| | KDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEIL |
| | SLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 332 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRTYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTLQLDDEVRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATP |
| | VSVRQYPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLRSVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTE |
| | ARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVR |
| | KDLTDIPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEIL |
| | SLLEALHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０５９１】

【表Ａ１－４９】

| | |
|---|---|
| 340 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPKGGGGSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP<br>LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT<br>GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTV<br>QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 341 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ<br>YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT<br>VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATILPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD<br>IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA<br>LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 346 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０５９２】

【表Ａ１－５０】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQQAWAETAGMGLAKQVPPQVTLQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNTTVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 352 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQQAWAETAGMGLAKQVPPQVTLQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGMPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNTTVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 352 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQQAWAETAGMGLAKQVPPQVTLQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |

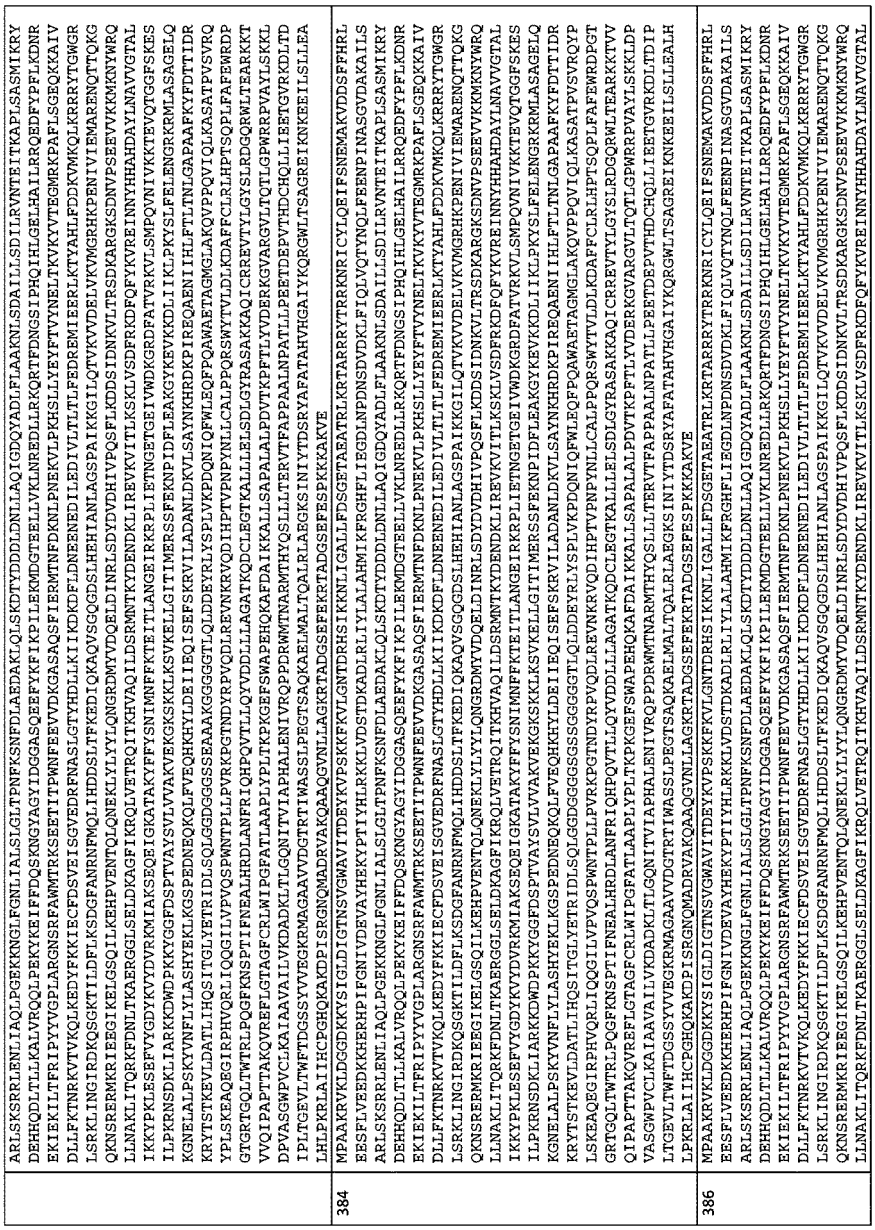
【０５９３】

【表Ａ１－５１】

| | |
|---|---|
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELGDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQGNTVTIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 358 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 363 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVTQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKT |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTD |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEA |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 365 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０５９４】

【表Ａ１－５２】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQPWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQ |
| | YPLSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | GTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTV |
| | VVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDYTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | DPVASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | IPLTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LHLPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 384 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQPWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLIAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDYTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 386 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

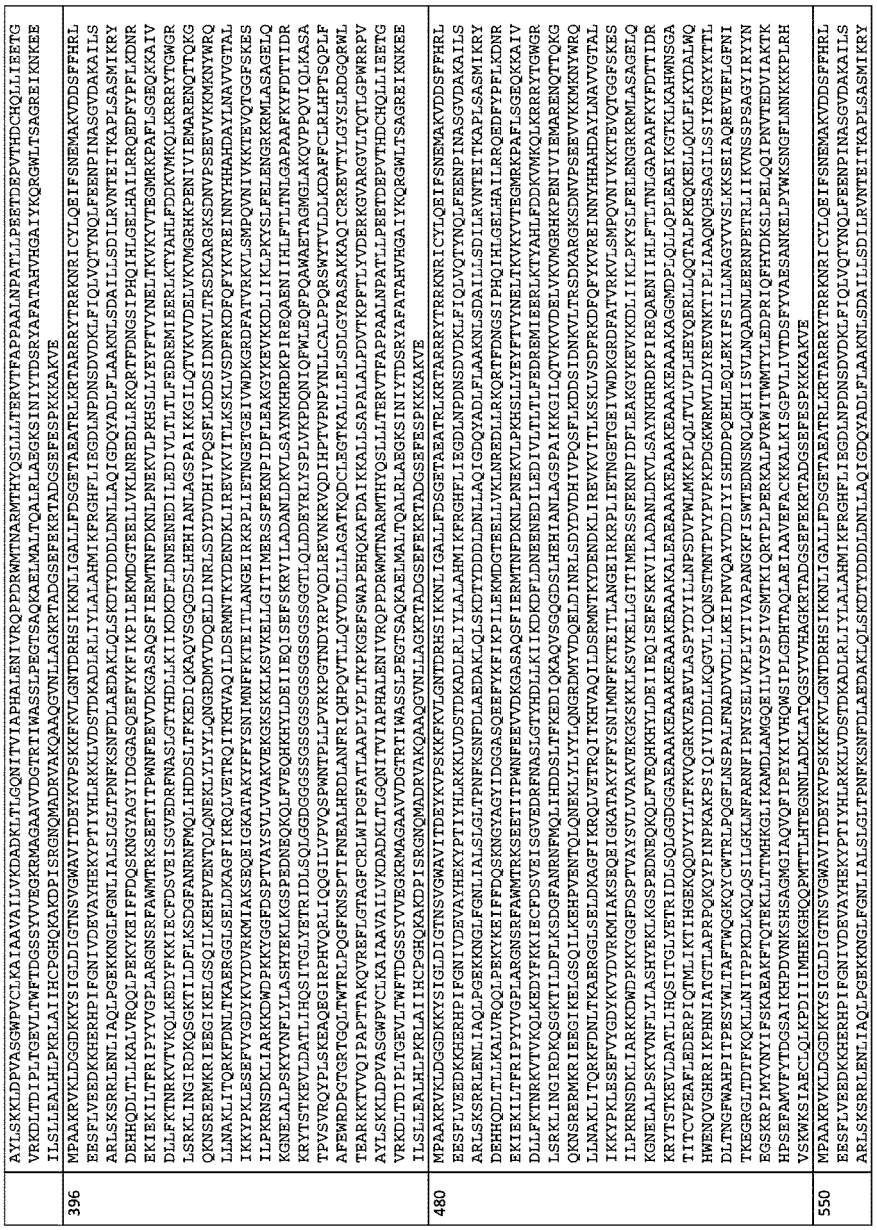
【０５９５】

【表Ａ１－５３】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSK |
| | EAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRT |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIP |
| | APTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVAS |
| | GWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTG |
| | EVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPK |
| | RLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 392 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLQLDDEYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYPLSKE |
| | AQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTGRTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQIPA |
| | PTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPLTGE |
| | VLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHLPKR |
| | LAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 396 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | AFEWRDPGTGRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWL |
| | TEARKKTVVQIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLVVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPV |

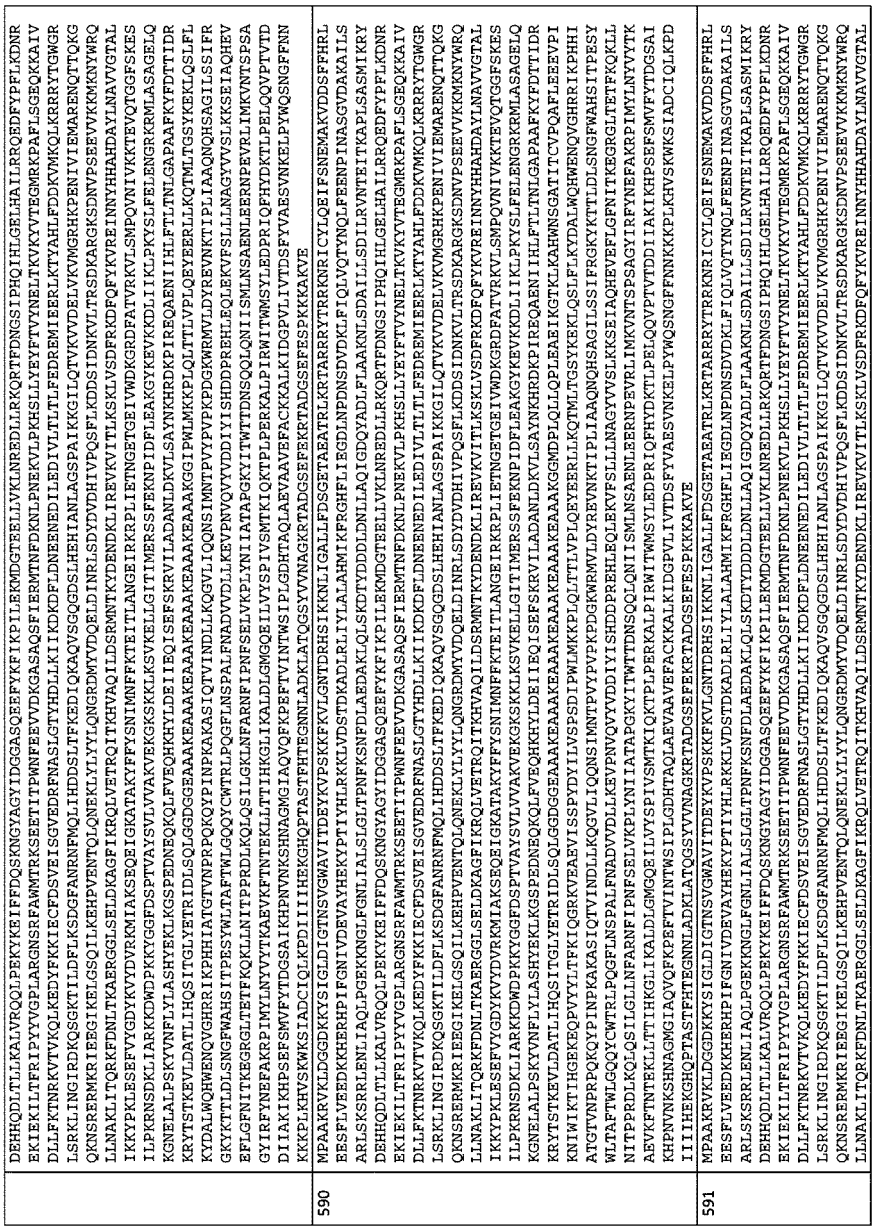
【０５９６】

【表Ａ１－５４】



【０５９７】

【表Ａ１－５５】



| | |
|---|---|
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVVDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFL |
| | KYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVTNDLLKQGVLIQQNSIMNTPVTPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFR |
| | GKYKTTLDLSNGFWAHSITTPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVVVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLNAGYVVSLKKSEIAQHEV |
| | EFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSA |
| | GYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLITTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTD |
| | DIIAKIKHPSRFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPD |
| | KKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 590 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVVDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGMDPLQLLQPLEAEIKGTKLKAHWNSGATITCVPQAFLEEEVPI |
| | KNTWIKTTHGEKEQPVYYLTFKIQGRKVEAEVTSSPYDYIIVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHI |
| | ATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVTPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESY |
| | WLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVVVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLL |
| | NITPPRDLKQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNYVYTK |
| | AEVKFTNTEKLITTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAI |
| | KHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPD |
| | IIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 591 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０５９８】

【表Ａ１－５６】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGMDPLQLLQPLEABIIKGTKLKAHWNSGA |
| | TITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIIHGEKEQPVTYILTFKIQGRKVEAEVISGPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLJKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQ |
| | HWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTL |
| | DLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNI |
| | TKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGLLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYN |
| | EFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFEHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIK |
| | HPSSFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKH |
| | VSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 647 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGMDPLQLLQPLEABIIKGTKLKAHWNSGA |
| | TITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIIHGEKEQPVTYILTFKIQGRKVEAEVISGPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLJKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQ |
| | HWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTL |
| | DLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNI |
| | TKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYN |
| | EFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFEHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIK |
| | HPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKH |
| | VSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 715 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGMDPLQLLQPLEABIIKGTKLKAHWNSGA |
| | TITCVPQAFLEEEVPIKNIWIKTIIHGEKEQPVTYILTFKIQGRKVEAEVISGPYDYILVSPSDIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLJKQTMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQ |
| | HWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLIAAQNQHSAGILSSIFRGKYKTTL |
| | DLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVYVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNAGYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNI |
| | TKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYN |
| | EFAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFEHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIK |
| | HPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKALKIDGPVLIVTDSFYVAESVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKH |
| | VSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPSKKKAKVE |

【０５９９】

【表Ａ１－５７】

| | |
|---|---|
| | NQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDTQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPVYPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTTDLS |
| | NGFWAHPIVPEDYWITAFTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFTGDVVDLLQGIPNVEVVDDVYISHDSEKEHLEYLDILIRLREAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNE |
| | GRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSTKNVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYNEGE |
| | KKPISYVSVFSKKTELKFTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFVDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSN |
| | FQHIFYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVIFINKDGNILQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISK |
| | WKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFEKVHAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 800 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMGKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSPIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRIAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKKVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 801 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPP |
| | VSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKP |
| | FTLVVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVL |
| | NPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFAT |
| | AHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKV<br>E |

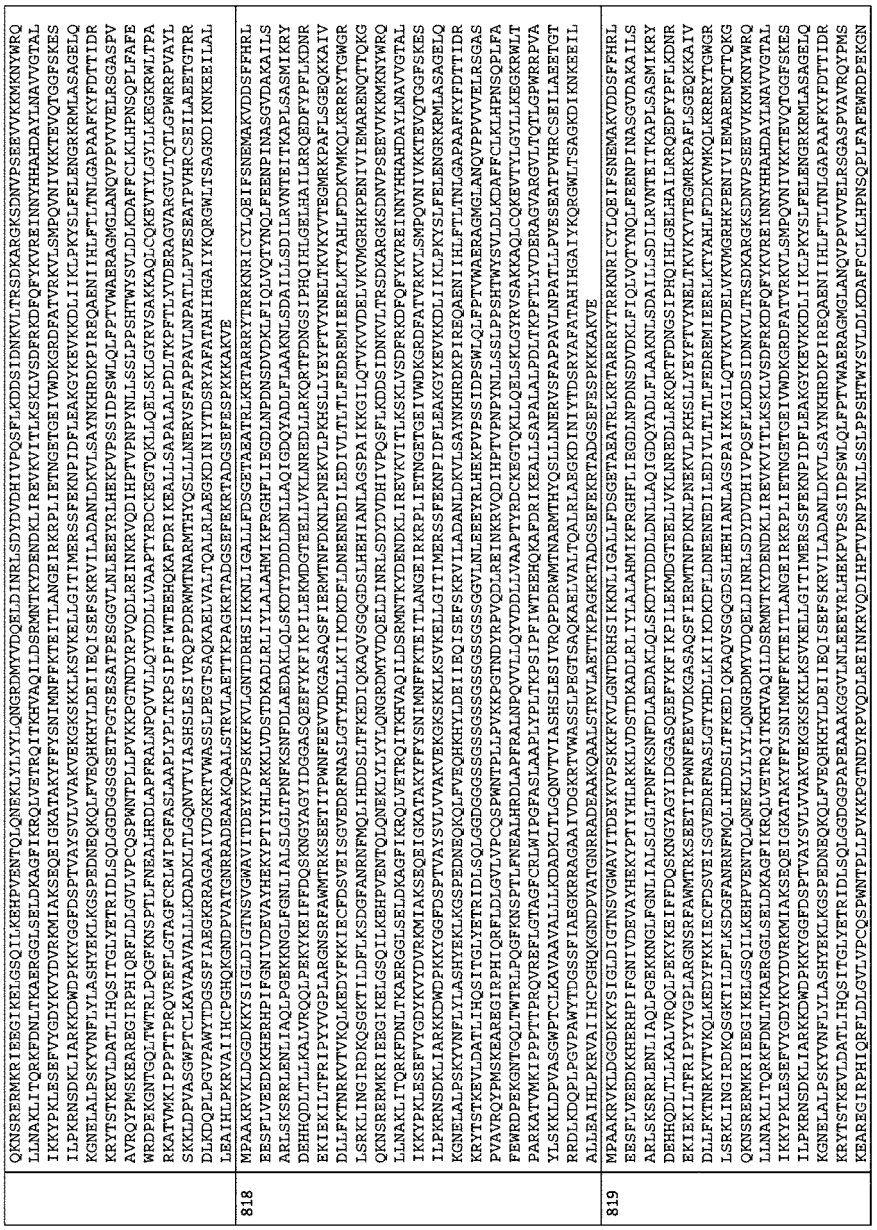
【０６００】

【表Ａ１－５８】

| | |
|---|---|
| 804 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM<br>SKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG<br>NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK<br>IPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVFRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGV<br>KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | 805 |
| 805 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKE<br>ARGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPP<br>PTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG<br>WPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVFRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGV<br>PAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQAIRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRV<br>AIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | 806 |
| 806 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG | |

【０６０１】

【表Ａ１－５９】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSETPGTSESATPESGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPV<br>AVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFE<br>WRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTVRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPA<br>RKATVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYL<br>SKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRR<br>DLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILAL<br>LEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 818 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSETPGTSESATPESGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS<br>FEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLT<br>PARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGT<br>RRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIL<br>ALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 819 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS<br>KEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |

【０６０２】

【表Ａ１－６０】

| | |
|---|---|
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQVTVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI<br>PPPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFTWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>SGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLP<br>GVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPK<br>RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAAKEAAAAKEAAAAKEAAAAKEAAAAKAGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWILQLF<br>PTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPP<br>SHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQVTVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYR<br>VSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKP<br>FTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVL<br>NPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFAT<br>AHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKAKV<br>E |
| 872 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAAKEAAAAKEAAAAKEAAAAKAGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWILQLF<br>PGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP<br>KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６０３】

【表Ａ１－６１】

| | |
|---|---|
| 873 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVV<br>ELRSGASPVAVRQTPMSKEARSGIRPHIQRFDLDGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHP<br>NSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKSGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV<br>EGKRWLTPARKATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSTIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLFVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ<br>LAEETGTRRDLKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | 874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQTY<br>PMSKEAREGIRPHIQRFDLDGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE<br>KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV<br>MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLFVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ<br>PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH<br>LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | | 876 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６０４】

【表Ａ１－６２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKEARE |
| | GIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLT |
| | WTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPPPTT |
| | PRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPT |
| | CLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGVPAW |
| | YTDGSSPIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAII |
| | HCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 878 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | SKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG |
| | NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK |
| | IPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPL |
| | PGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 880 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGSSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | SKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG |

【０６０５】

【表Ａ１－６３】

| | |
|---|---|
| | NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQVVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK |
| | IPPPTTRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPL |
| | PGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 882 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | ARSEIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQVVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPP |
| | PTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLPGV |
| | PAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRV |
| | AIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 883 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERACMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS |
| | KEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDTHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQVVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI |
| | PPPTTRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | SGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLP |
| | GVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPK |
| | RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 884 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

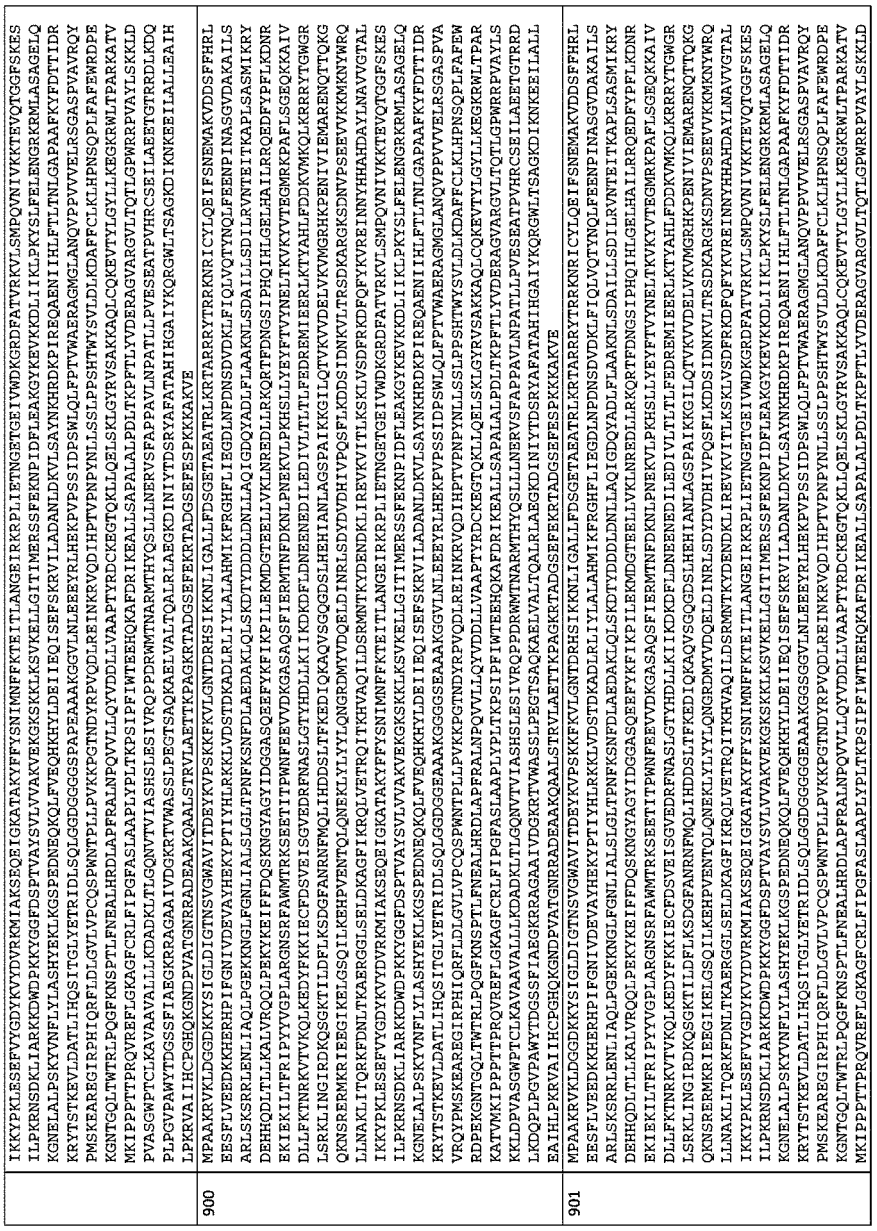
【０６０６】

【表Ａ１－６４】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMSKE |
| | AREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKIPP |
| | PTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASG |
| | WPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAETGTRRDLKDQPLPGVP |
| | PAWVTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRV |
| | AIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 890 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVR |
| | QYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRD |
| | PEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKA |
| | TVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAETGTRRDLK |
| | DQPLPGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEA |
| | IHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 898 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０６０７】

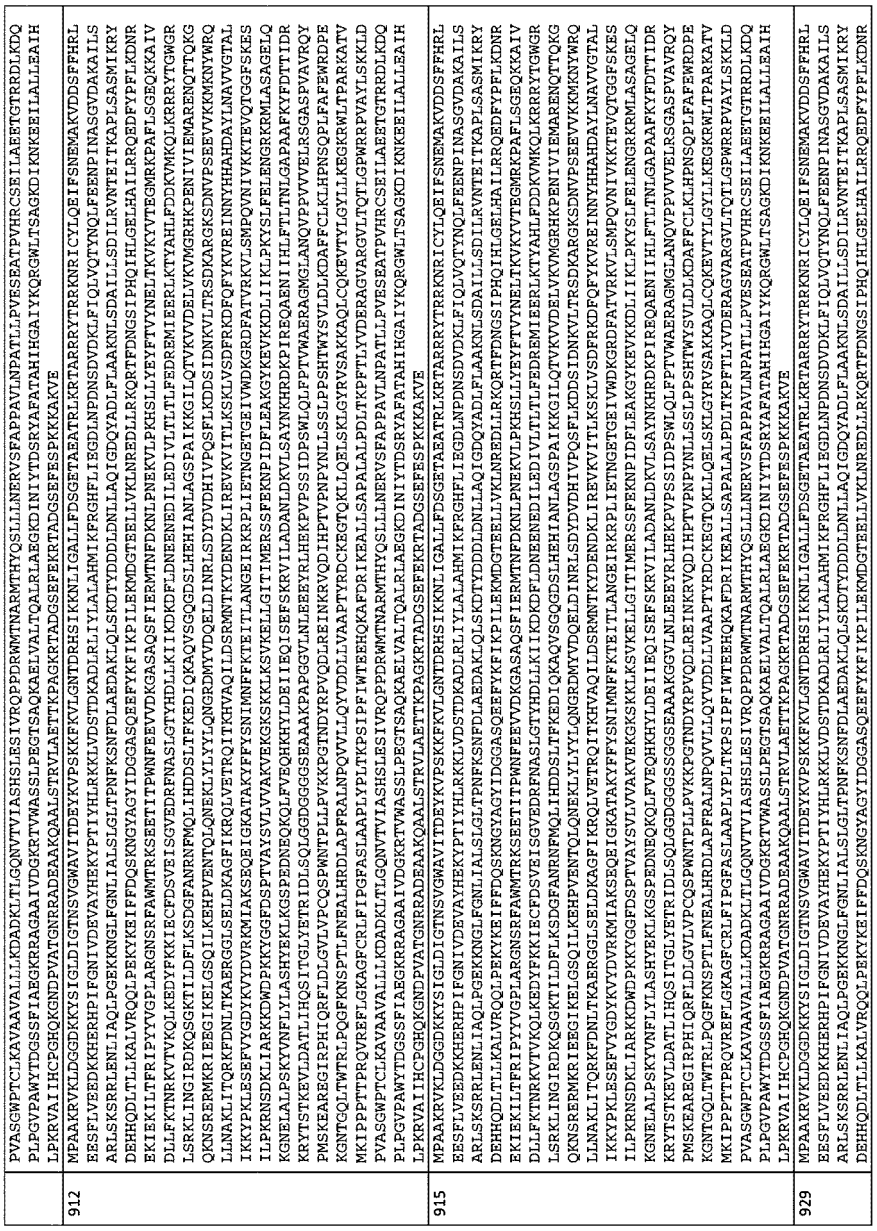
【表Ａ１－６５】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNNRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 900 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | VRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEW |
| | RDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPAR |
| | KATVMKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRD |
| | LKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALL |
| | EAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNNRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 901 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０６０８】

【表Ａ１－６６】



| | |
|---|---|
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESRATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 912 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPFVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEARESGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRAINPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPQVRBFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFTWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTIYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESRATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 915 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSEAAAKGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPFVVVELRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEARESGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRAINPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPQVRBFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFTWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTIYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESRATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 929 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６０９】

【表Ａ１－６７】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPM |
| | SKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLRSINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKG |
| | NTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMK |
| | IPPPTTRQVEEFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPL |
| | PGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLP |
| | KRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 933 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVA |
| | VRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLRSINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEW |
| | RDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPAR |
| | KATVMKIPPPTTRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRD |
| | LKDQPLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALL |
| | EAIHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 958 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６１０】

【表Ａ１－６８】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETH |
| | GTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKN |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 960 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 961 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETHGTRPDLT |

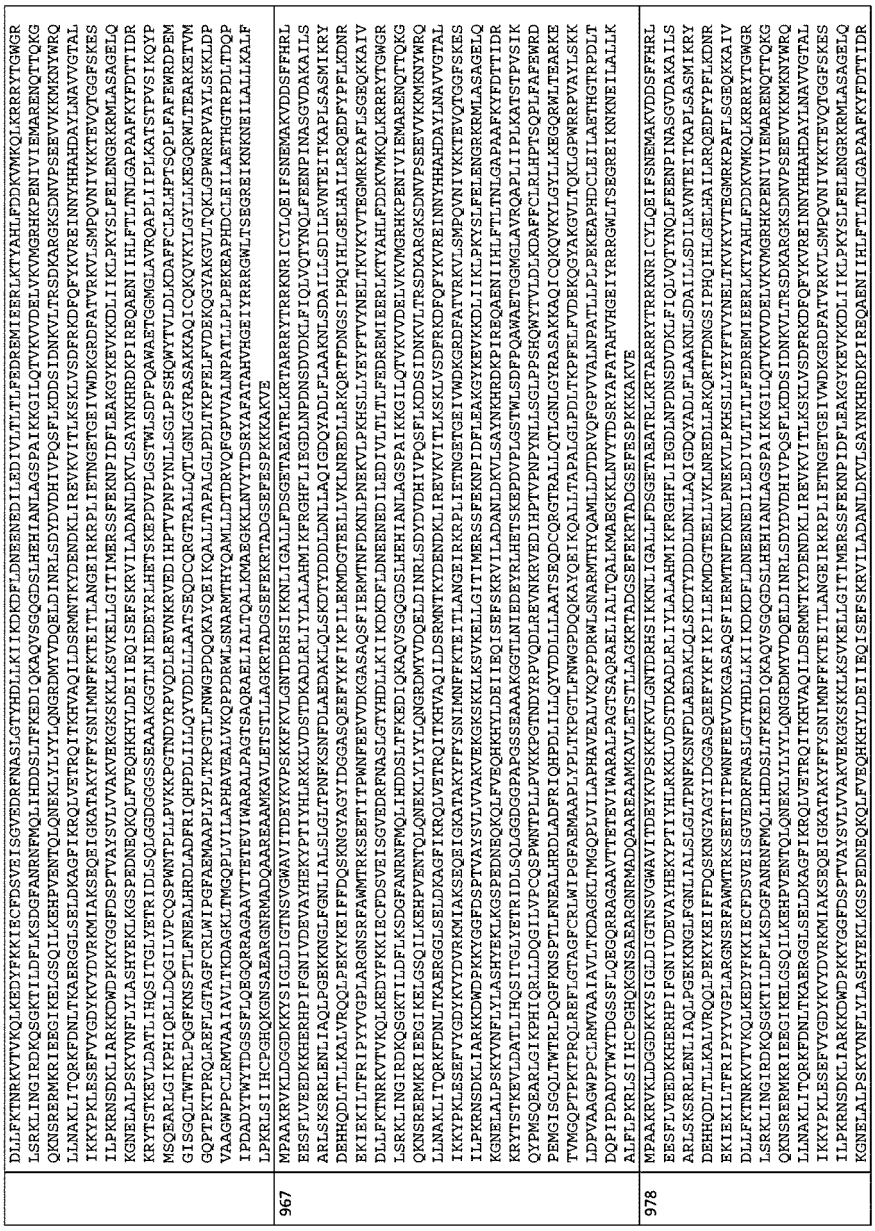
【０６１１】

【表Ａ１－６９】

| | |
|---|---|
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 963 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 964 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSGSGSSGSGSSGSGSTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTR |
| | PDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 966 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６１２】

【表Ａ１－７０】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 967 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 978 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６１３】

【表Ａ１－７１】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 987 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1006 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSPAPGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSSPAPGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

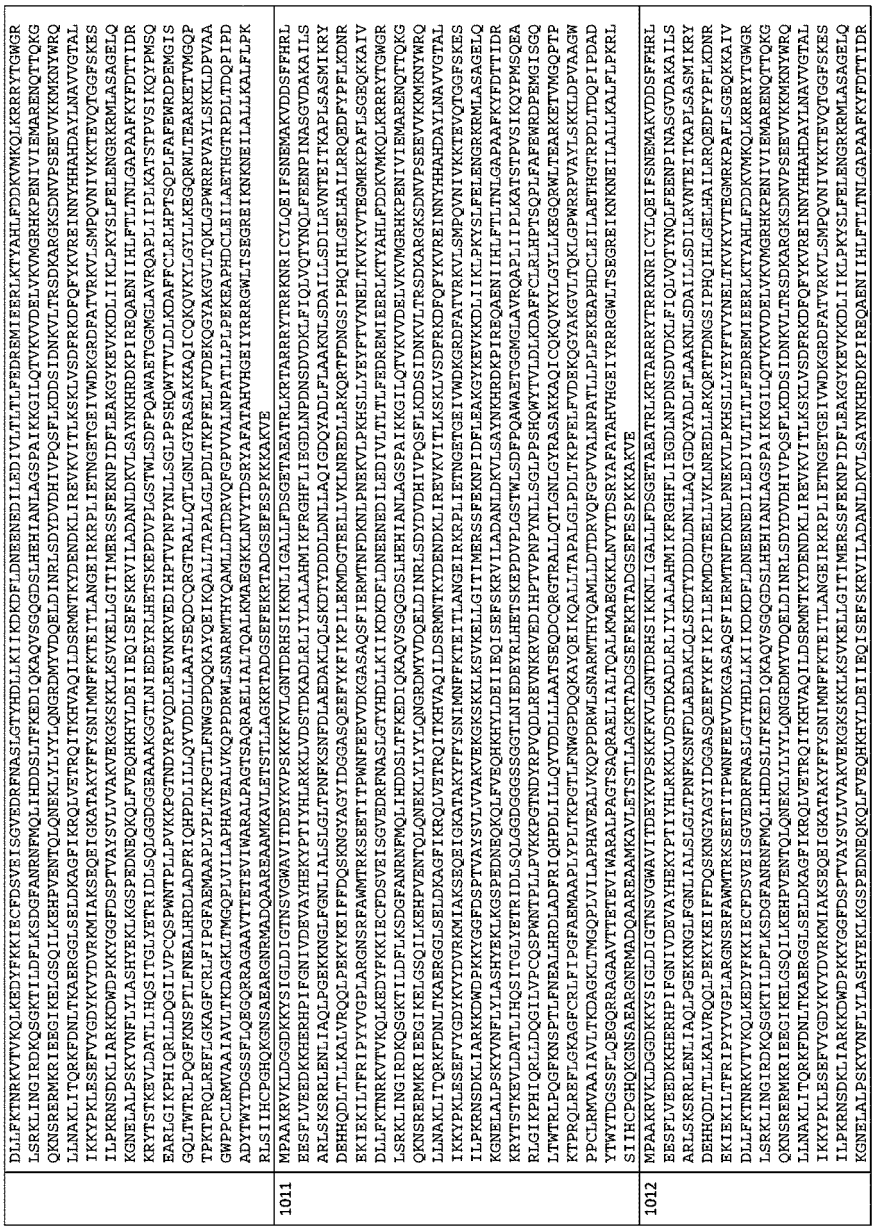
【０６１４】

【表Ａ１－７２】

| | |
|---|---|
| | FATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1007 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1008 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK<br>ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ<br>PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ<br>RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR<br>RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAE<br>THGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKN<br>KNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1009 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６１５】

【表Ａ１－７３】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDBYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLRKEFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD |
| | ADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1011 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | SIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1012 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６１６】

【表Ａ１－７４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1015 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1016 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

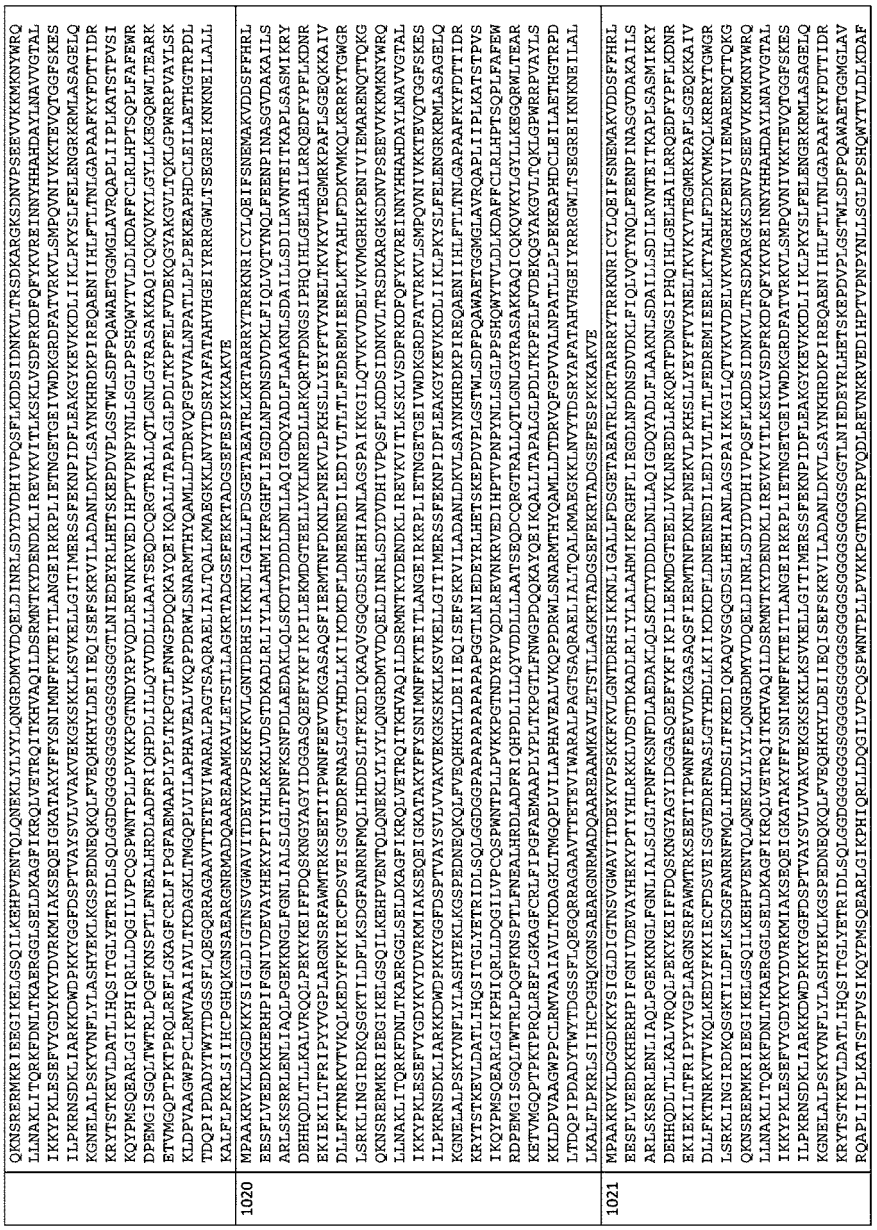
【０６１７】

【表Ａ１－７５】

| | |
|---|---|
| 1017 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1018 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1019 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６１８】

【表Ａ１－７６】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIIAETHGTRPDL |
| | TDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1020 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIIAETHGTRPD |
| | LTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1021 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |

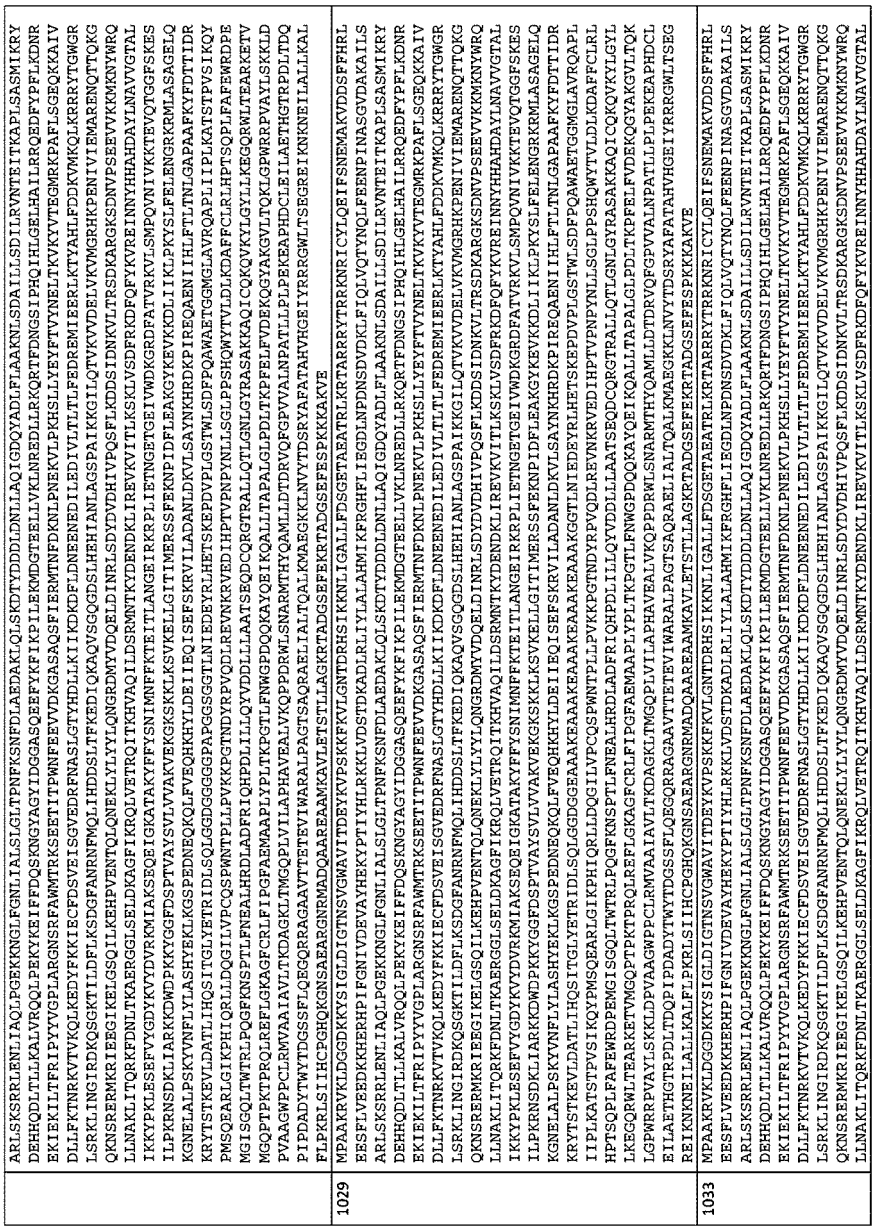
【０６１９】

【表Ａ１－７７】

| | |
|---|---|
| | FCLRLHPTSQPLFAPEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA |
| | PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGW |
| | LTSEGREIKNKNEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1022 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLKALF |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1023 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSGSGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1025 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６２０】

【表Ａ１－７８】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEIIALLKALF |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1029 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMQQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCL |
| | EILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEG |
| | REIKNKNEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1033 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０６２１】

【表Ａ１－７９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLIELAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1034 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARFAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1037 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |

【０６２２】

【表Ａ１－８０】

| | |
|---|---|
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTR |
| | PDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1038 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1039 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1043 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６２３】

【表Ａ１－８１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1044 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARRAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1046 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６２４】

【表Ａ１－８２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISCQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICCQKVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRJSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1047 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIP |
| | DADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1049 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAE |

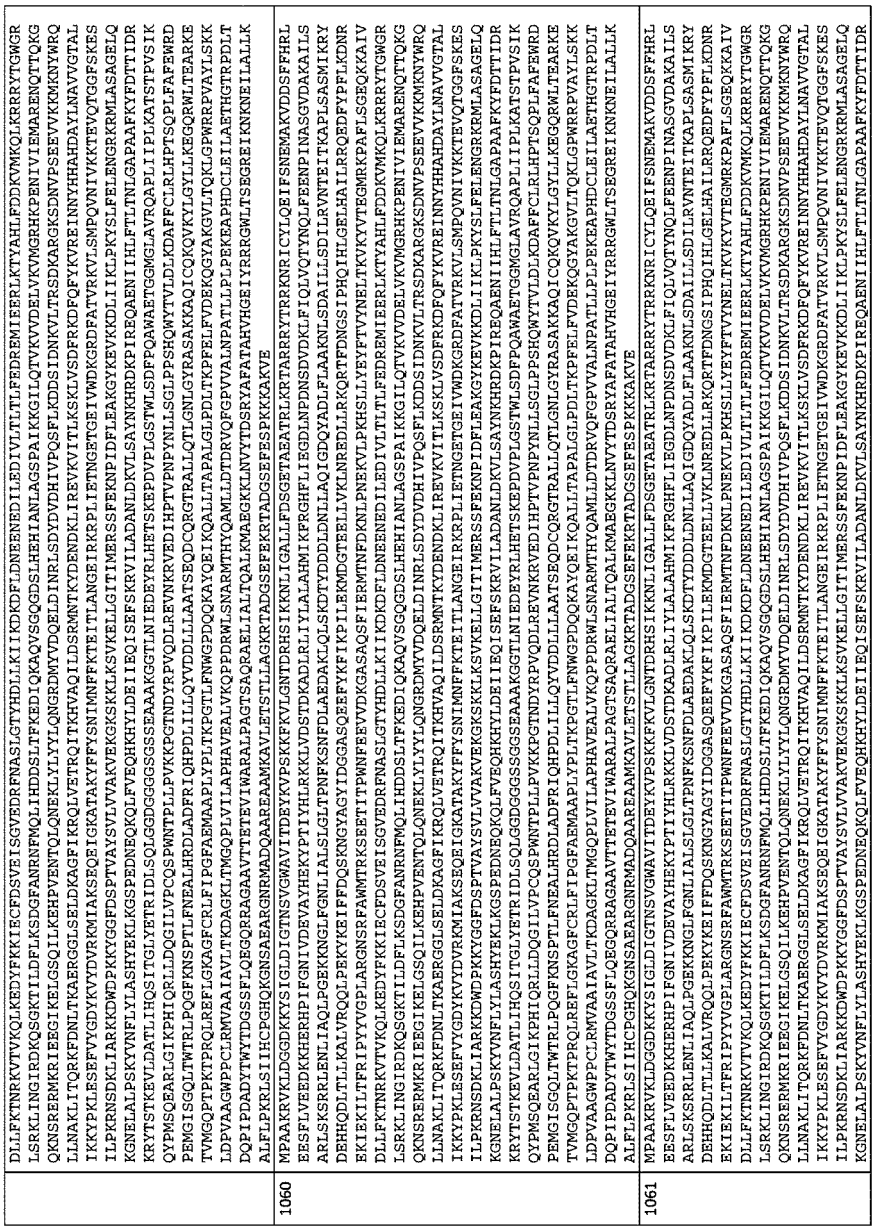
【０６２５】

【表Ａ１－８３】

| | |
|---|---|
| | THGTRPDLITQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKN |
| | KNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1052 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKKPGAAKKEAAAKEAAAKEAAAKKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD | |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK | |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG | |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEA | |
| | PHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGW | |
| | LTSEGREIKNKNEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE | |
| 1056 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE AAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1059 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６２６】

【表Ａ１－８４】



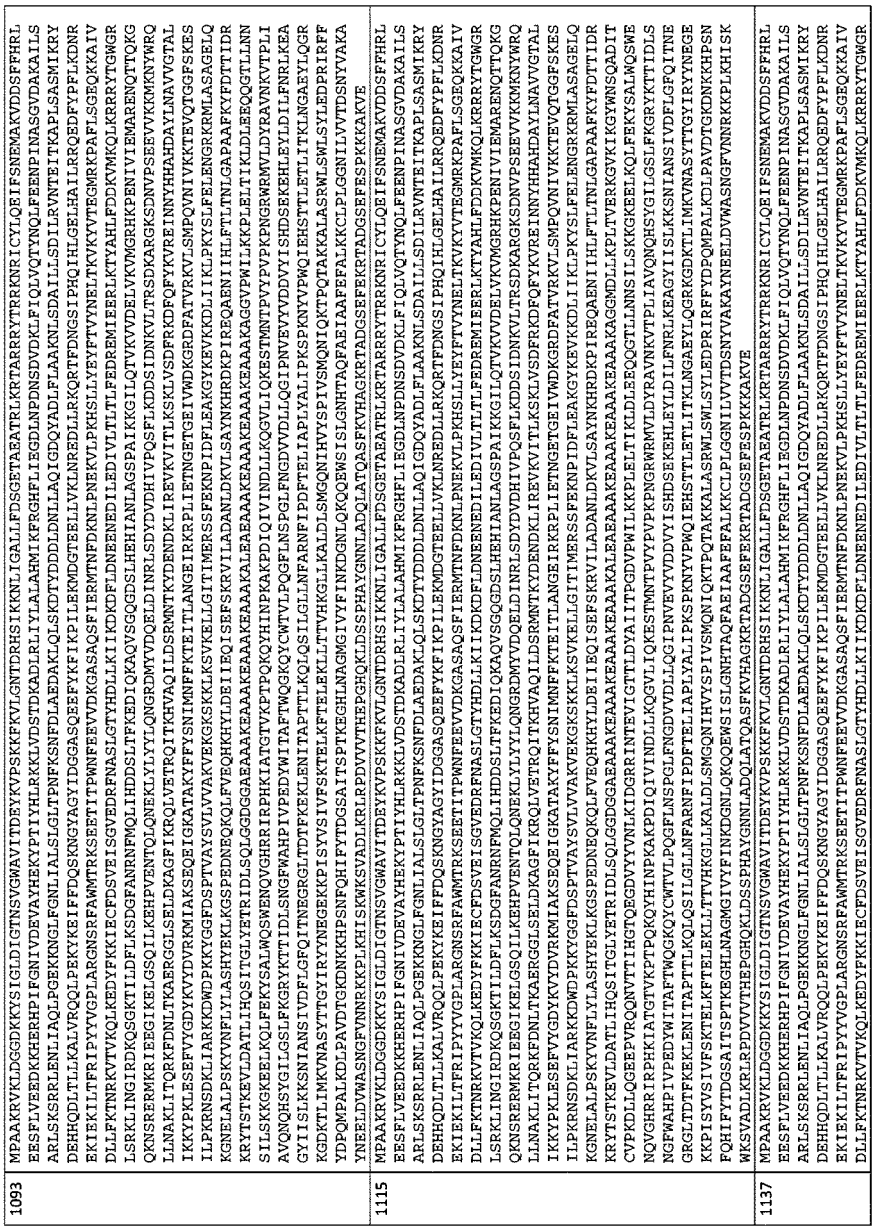
【０６２７】

【表Ａ１－８５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1076 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1083 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６２８】

【表Ａ１－８６】



| | |
|---|---|
| 1093 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGVPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNN<br>SILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHTAPTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDLQGIPNVEVVDDVVISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEA<br>AVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLSNGFWAHPIVPEDYWITAPTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDLQGIPNVEVVDDVVISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEA<br>GYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNEGRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGR<br>KGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYTNEGEKKPISYSVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFF<br>YDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSNFQHIFYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYVFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKA<br>YNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISKWKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVHAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1115 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGVPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWENQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHTAPTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDLQGIPNVEVVDDVVISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEA<br>CVPKDLLQGEEPVRQQNVTTIHGTQEGDVYYVNLKIDGRRINTEVIGTTLDYAIITPGDVPWILKKPLELTIKLDLEEQQGTLLNNSILSKKGKEELKQLFEKYSALWQSWE<br>NQVGHRRIRPHKIATGTVKPTPQKQYHINPKAKPDIQIVINDLLKQGVLIQKESTMNTPYVPVPKPNGRWRMVLDYRAVNKVTPLIAVQNQHSYGILGSLFKGRYKTTIDLS<br>NGFWAHPIVPEDYWITAPTWQGKQYCWTVLPQGFLNSPGLFNGDVVDLLQGIPNVEVVDDVVISHDSEKEHLEYLDILFNRLKEAGYIISLKKSNIANSIVDFLGFQITNE<br>GRGLTDTFKEKLENITAPTTLKQLQSILGLLNFARNFIPDFTELIAPLYALIPKSPKNYVPWQIEHSTTLETLITKLNGAEYLQGRKGDKTLIMKVNASYTTGYIRYYTNEGE<br>KKPISYVSIVFSKTELKFTELEKLLTTVHKGLLKALDLSMGQNIHVYSPIVSMQNIQKTPQTAKKALASRWLSWLSYLEDPRIRFFYDPQMPALKDLPAVDTGKDNKKHPSN<br>FQHIFYTDGSAITSPTKEGHLNAGMGIVYVFINKDGNLQKQQEWSISLGNHTAQFAEIAAFEFALKKCLPLGGNILVVTDSNYVAKAYNEELDVWASNGFVNNRKKPLKHISK<br>WKSVADLKRLRPDVVVTHEPGHQKLDSSPHAYGNNLADQLATQASFKVHAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1137 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |

【０６２９】

【表Ａ１－８７】

| | |
|---|---|
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLL |
| | STALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQ |
| | LIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEVTYLGFKIHKGS |
| | RSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGTIGYCRLWIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPW |
| | KRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTEASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTL |
| | DSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAI |
| | KNAPEIIALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1168 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYP |
| | MPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEI |
| | GLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAIL |
| | SIPVPKNSRQVREFLGTAGYCRLWIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKLDT |
| | VASGWPPCLRMVAATAIIVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCFLQIIAETHGTRPDLTDQP |
| | LPDADLTWYTDGSSFIRNGERRAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1171 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHC |

【０６３０】

【表Ａ１－８８】

| | |
|---|---|
| | QAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHSESQLLAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQVVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTY |
| | LGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSRQVREFLGTAGYCRLWIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGV |
| | LVQKLGPWKRPVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNH |
| | HDCIQIIAETHGTRPDLITDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWL |
| | TSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1197 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKN |
| | FPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLP |
| | PSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGY |
| | RASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITK |
| | PFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTV |
| | SLNPATLLPLPSGGNHHDCLQIILAETHGTRPDLITDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGERAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAF |
| | ATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAK |
| | VE |
| 1198 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKN |
| | PVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQIILAET |
| | HGTRPDLITDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGERAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNK |
| | NEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６３１】

【表Ａ１－８９】

| | |
|---|---|
| 1202 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVL |
| | IQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLH |
| | SESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKA |
| | KDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYL |
| | GPWKRPVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRP |
| | EIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1203 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPI |
| | SIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFE |
| | WRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKA |
| | RKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYL |
| | SKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRP |
| | DLTDQPLPDADLTWTTDGSSFIRNGSRERAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILA |
| | LLBALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1210 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

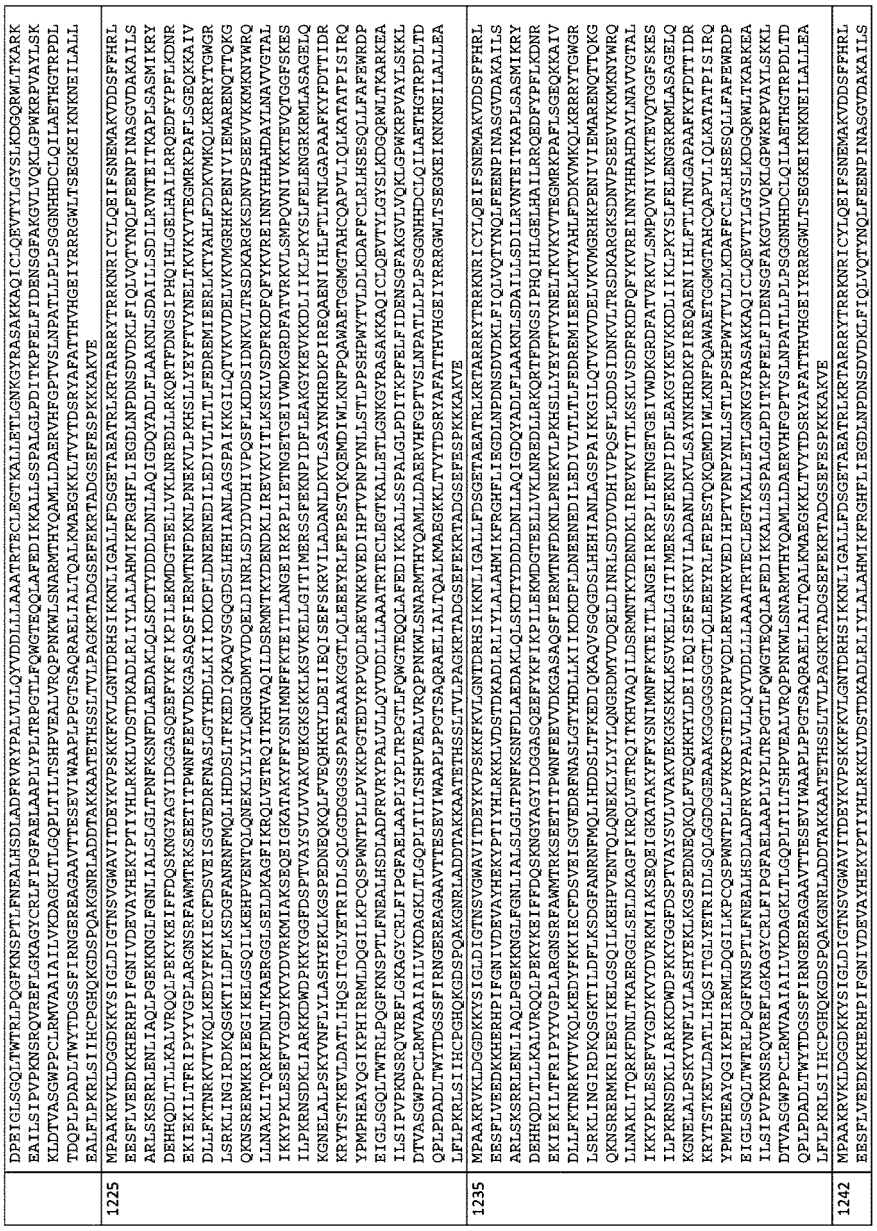
【０６３２】

【表Ａ１－９０】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGGGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWTDGSSFIRNGERERAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLIVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1216 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISI |
| | RQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWR |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISI |
| | RQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWR |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISI |
| | RQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWR |
| 1219 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISI |
| | RQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWR |

【０６３３】

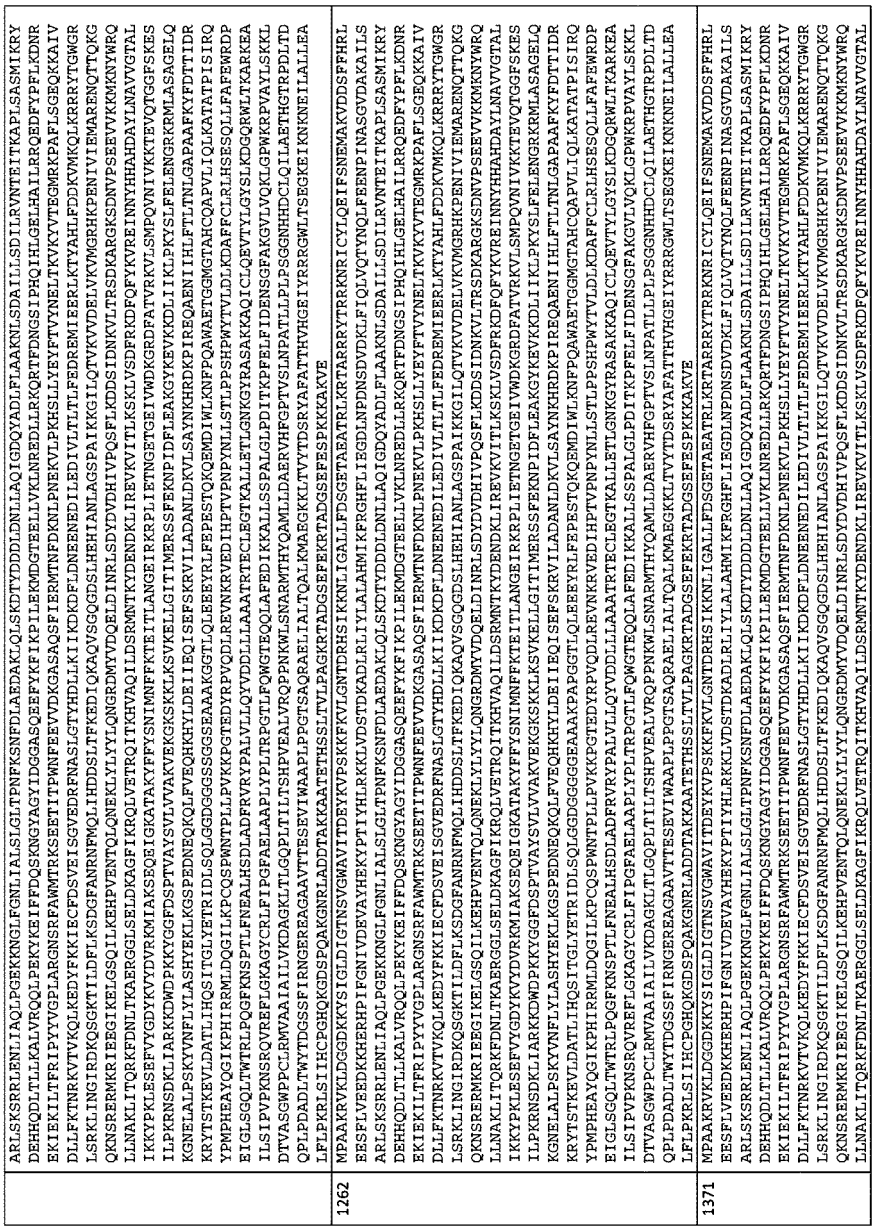
【表Ａ１－９１】



| | |
|---|---|
| | DPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARK |
| | EAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSK |
| | KLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDL |
| | TDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEIIALL |
| | EALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1225 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSPAPEAAKGGGGSGSGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEIIALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1235 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSPAPEAAKGGGGSGSGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWYTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEIIALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1242 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６３４】

【表Ａ１－９２】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSEAAAKGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1262 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSEAAAKPAPGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKNFPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQ |
| | YPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDP |
| | EIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVRYPALVLLQYVDDLLLAAATRTECLEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEA |
| | ILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQQLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKL |
| | DTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALVRQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHFGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTD |
| | QPLPDADLTWTDGSSFIRNGEREAGAAVTTESEVIWAAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLADDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1371 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

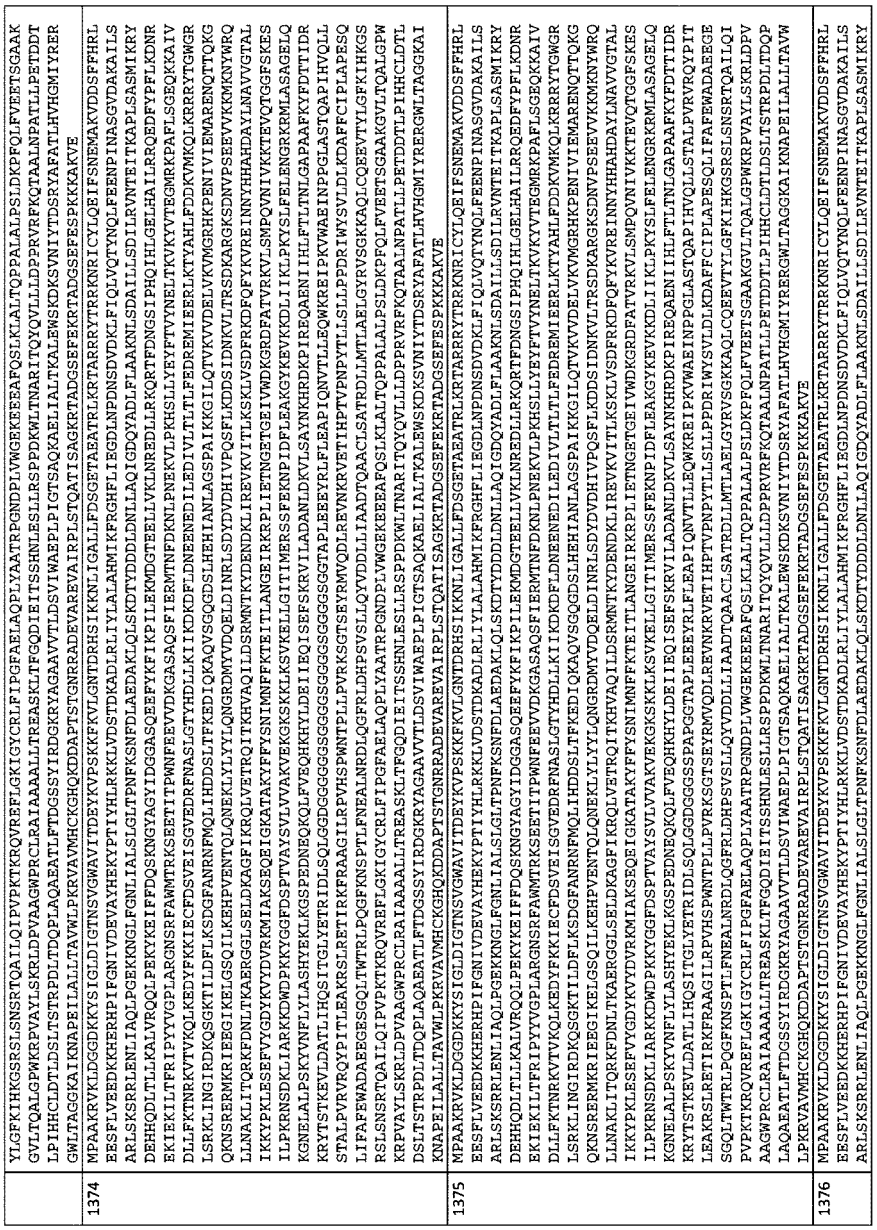
【０６３５】

【表Ａ１－９３】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVEVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTRBASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1372 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKR |
| | EIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVEVRQYPITLEAKRSLRETIRKFPAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPVTLLSLL |
| | PPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELG |
| | YRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSL |
| | DKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQ |
| | TAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSR |
| | YAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKK |
| | KAKVE |
| 1373 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | TQAPIHVQLLSTALPVEVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAF |
| | FCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVT |

【０６３６】

【表Ａ１－９４】



| | |
|---|---|
| | YLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKIALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAK |
| | GVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDT |
| | LPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRER |
| | GWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1374 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPIT |
| | STALPVRVRQYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGIIRVPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPVTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGE |
| | LIFAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEVTYLGFKIHKGS |
| | RSLSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPW |
| | KRPVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTL |
| | DSLTSTRPDLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAI |
| | KNAPEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1375 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPIT |
| | LEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPVTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGE |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQI |
| | PVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPV |
| | AAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQP |
| | LAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVW |
| | LPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1376 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |

【０６３７】

【表Ａ１－９５】

| | |
|---|---|
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKVKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSEATPESGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | PVRVRQYPITLEAAKSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFA |
| | FEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | NSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | AYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | STRPDLLTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIAL |
| | EILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRIADLSEEFESPKKKAKVE |
| 1377 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKVKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSEATPESGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARFVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRIADLSEEFESPKKKAKVE |
| 1380 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKVKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVVNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |

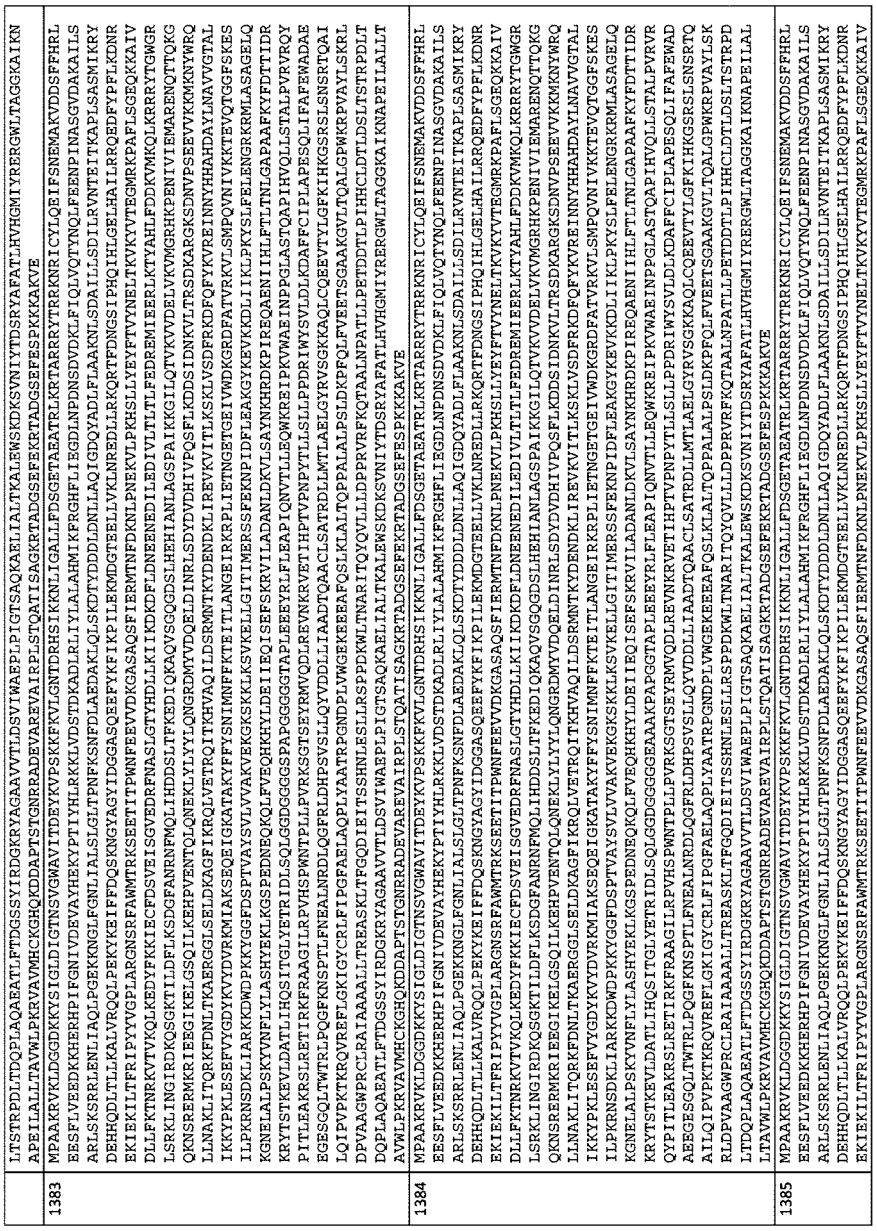
【０６３８】

【表Ａ１－９６】

| | |
|---|---|
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVQYPITL |
| | EAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGES |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIP |
| | VPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVA |
| | AGWPRCLRAIAAAALLTEEASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQPL |
| | AQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTAVWL |
| | PKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1381 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AIILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTEEASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1382 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLI |
| | FAFEWADAEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRS |
| | LSNSRTQAILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKR |
| | PVAYLSKRLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDS |

【０６３９】

【表Ａ１－９７】



| | |
|---|---|
| | LTSTRPDLITDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALSWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKN |
| | APEILALLTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARRVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 1383 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLQEWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIKHGSRSLSNSRTQ |
| | IKKVPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLQEWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIKHGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARRVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 1385 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６４０】

【表Ａ１－９８】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGSSGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVP |
| | LQIPVPKTKRQVRBFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPVAAG |
| | DPVAAGWPRCLRAIAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTQPLAQ |
| | DQPLAQEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIALLTAVWLPK |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1389 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYPITLEA |
| | KRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGSGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAILQIPVP |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | RVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARFVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1390 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

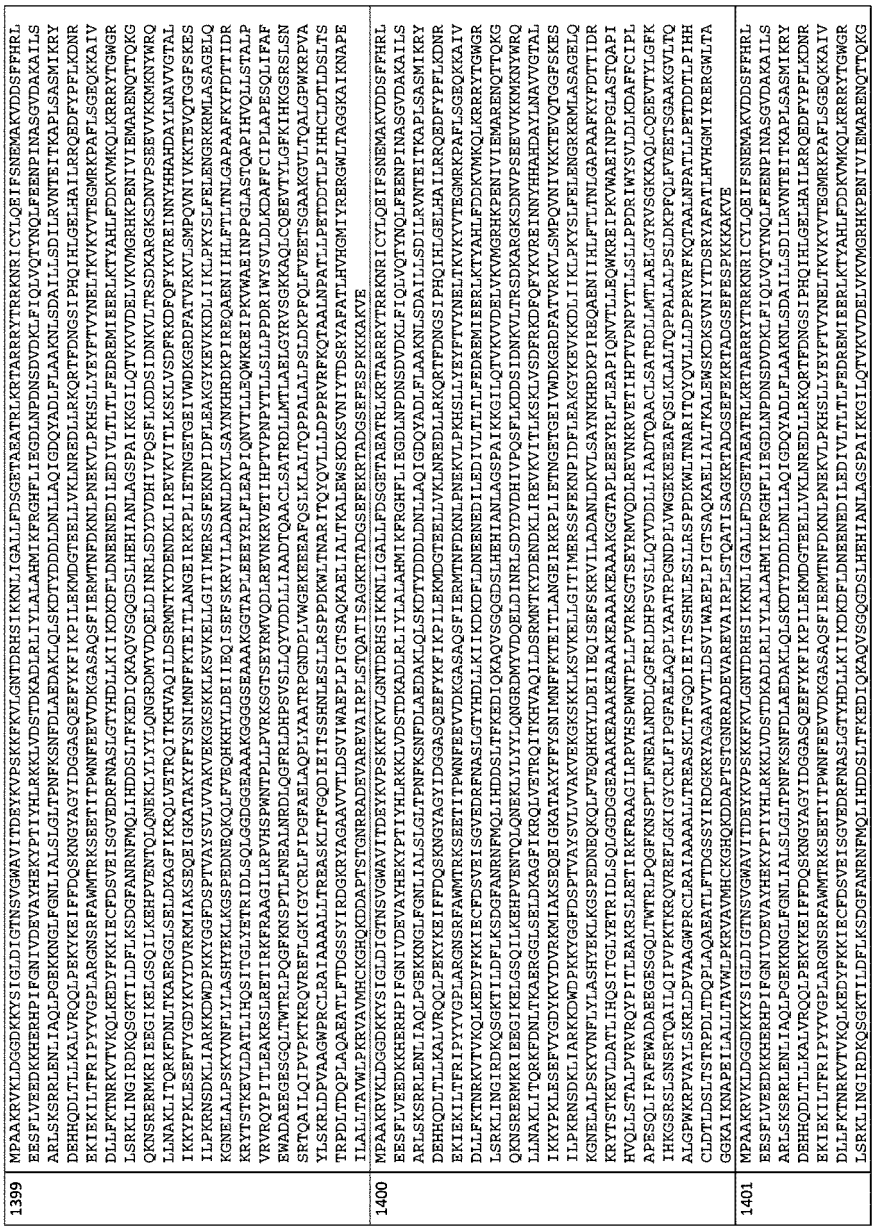
【０６４１】

【表Ａ１－９９】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1394 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIIALLTAVW |
| | LPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

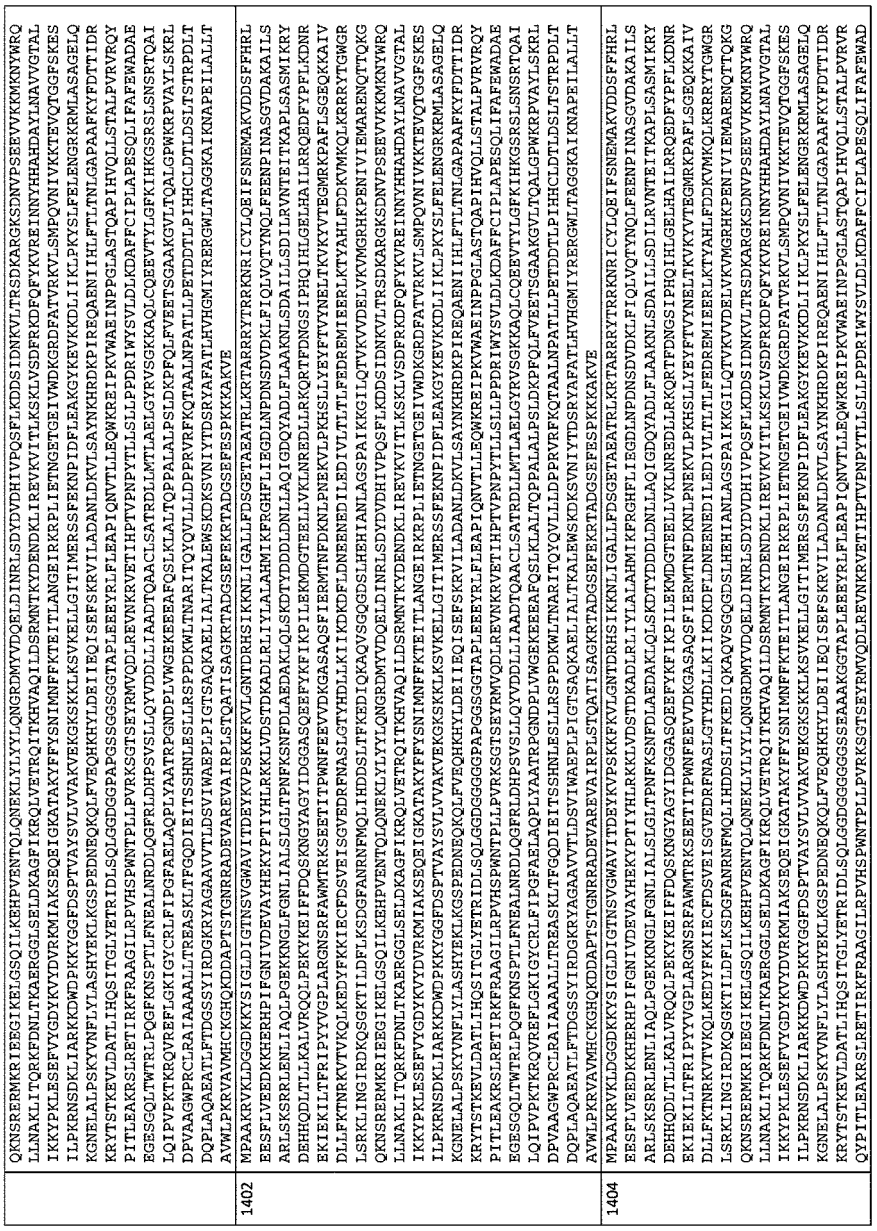
【０６４２】

【表Ａ１－１００】



【０６４３】

【表Ａ１－１０１】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGSGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI |
| | LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL |
| | DPVAAGMPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIYGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1402 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGSGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQY |
| | PITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAE |
| | EGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAI |
| | LQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRL |
| | DPVAAGMPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLT |
| | DQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIYGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLT |
| | AVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVAREVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1404 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGSGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |

【０６４４】

【表Ａ１－１０２】

| | |
|---|---|
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLAITQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTRBASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTDLSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1405 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSBAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWRKEIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVRQYP |
| | ITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEE |
| | GESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAIL |
| | QIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLAITQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLD |
| | PVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTD |
| | QPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTDLSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTA |
| | VWLPKRVAVMECKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1406 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSBAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWRKEIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLAITQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTDLSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1410 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６４５】

【表Ａ１－１０３】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWRKEIPKVWAEINPPGLASTQAPTHVQLLSTALPVRVR |
| | LEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETTHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWADAEEGE |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYTVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQAIL |
| | PVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLDPV |
| | AAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTDQP |
| | LAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIILALLTAVW |
| | LPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARKVAIRPLSTQATISAGKTADGSEFEKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1415 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWRKEIPKVWAEINPPGLASTQAPTHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETTHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYTVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEIILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARKVAIRPLSTQATISAGKTADGSEFEKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1419 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

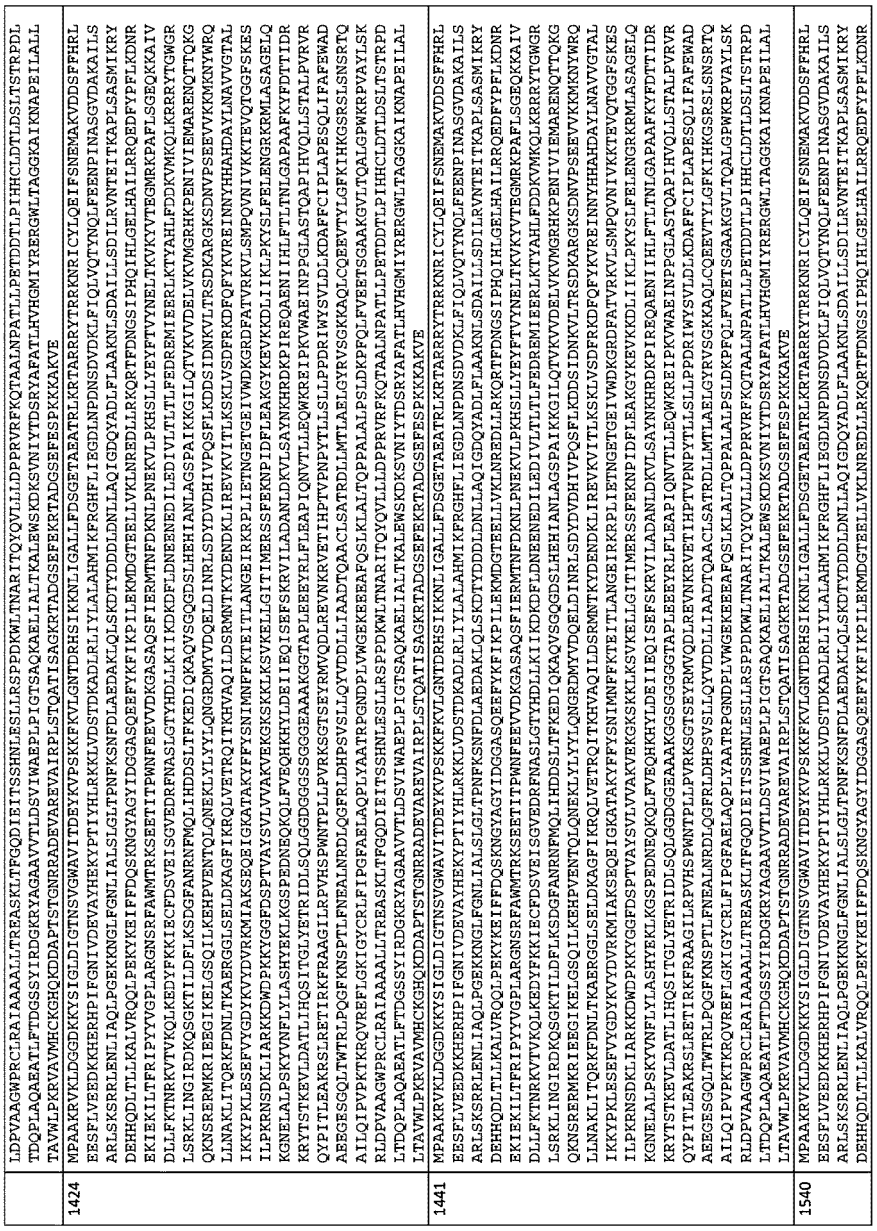
【０６４６】

【表Ａ１－１０４】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSGGGGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGLASTQAPIHVQLLSTALPVRVR |
| | QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCTPLAPESQLIFAFEWAD |
| | AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ |
| | AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK |
| | RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTRBASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD |
| | LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL |
| | LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1422 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | QPIVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKBEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKRLD |
| | PVAAGWPRCLRAIAAAALLTREASKLTFGQDIEITSSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPDLTD |
| | QPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVVTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILALLTA |
| | VWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1423 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | EEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQA |
| | ILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSKR |

【０６４７】

【表Ａ１－１０５】



【０６４８】

【表Ａ１－１０６】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILS |
| | ARIPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLG |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1543 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIII |
| | DLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAP |
| | QSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILS |
| | EGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLG |
| | PWKRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQ |
| | VLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGK |
| | EIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1550 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６４９】

【表Ａ１－１０７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSSGGGGGTVSLQDBHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM<br>SLEAHMGIRQHIIKPLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG<br>ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR<br>IPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFILDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV<br>AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE<br>LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYVAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF<br>LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1553 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGSSGSSGSSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVS<br>IKQYPMSLEAAMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEW<br>KDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGR<br>IETVARIPPPRNPREVREFLGTAGFCRLWIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLS<br>KKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRE<br>DLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIA<br>LLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1616 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>VLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRAINPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKA<br>QLCREEVTYLGYLLKGGRRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVD<br>EKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLL |

【０６５０】

【表Ａ１－１０８】

| | |
|---|---|
| | PVESDDTPIHTCSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPSGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGA |
| | IYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1618 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGSGGLLGRDLLTKLKAQIQPSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALISAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1619 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGSGGLLGRDLLTKLKAQIQPSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALISAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1666 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６５１】

10

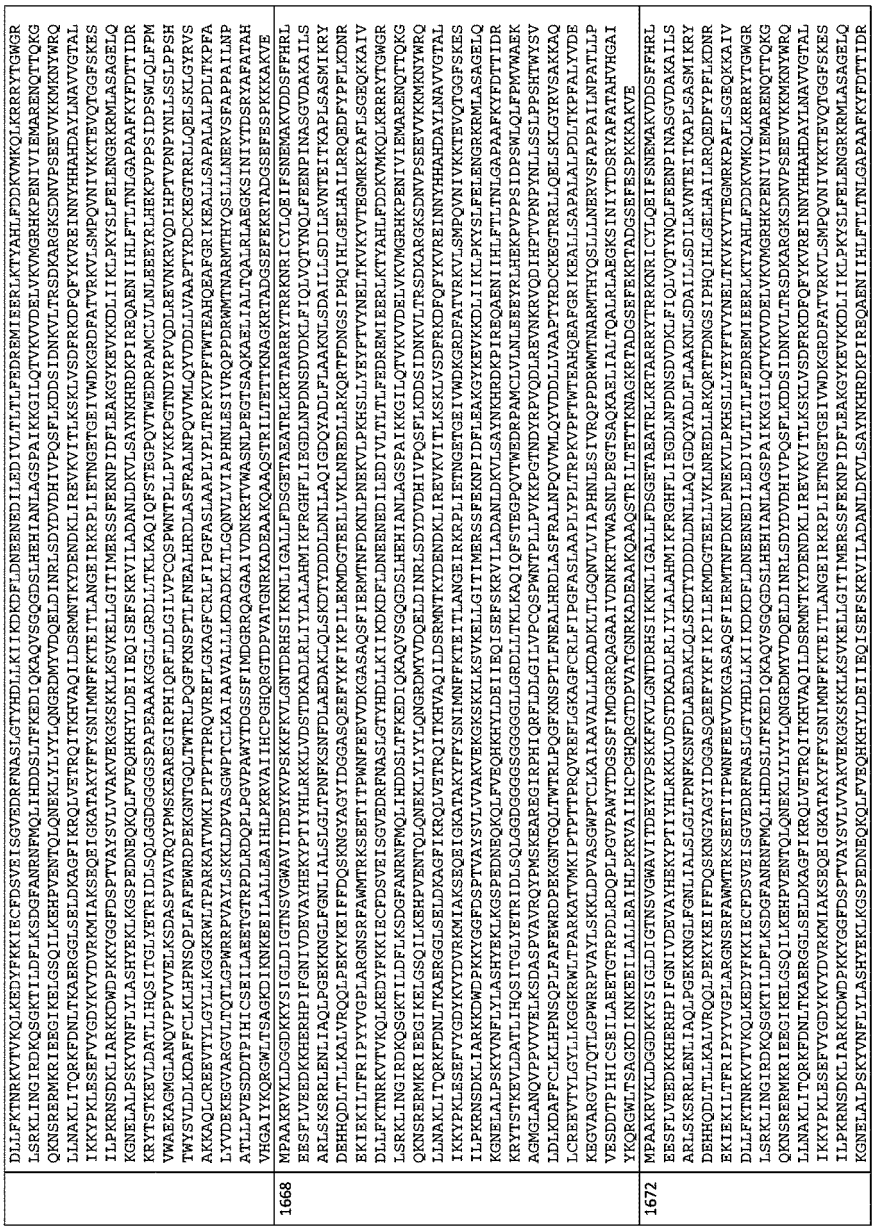
20

30

40

50

【表Ａ１－１０９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPPAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQPSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDE |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1668 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGGLLGRDLLTKLKAQIQPSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEK |
| | AGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSV |
| | LDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQ |
| | LCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDE |
| | KEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLP |
| | VESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI |
| | YKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1672 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

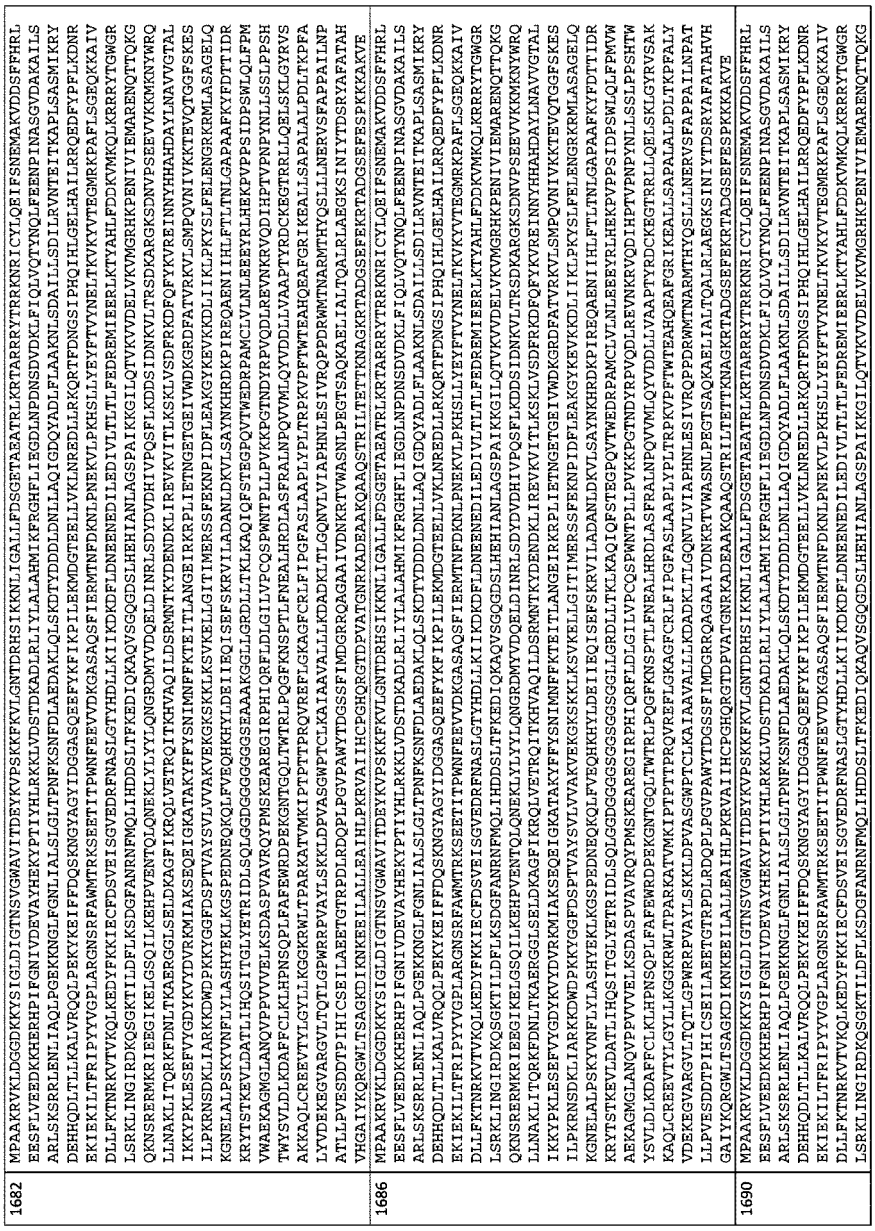
【０６５２】

【表Ａ１－１１０】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAASGTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1677 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKPAPGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAASGTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1679 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATL |
| | LPVESDDTPIHICSEIIAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHG |
| | AIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAASGTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６５３】

【表Ａ１－１１１】



| | |
|---|---|
| 1682 | MPAAKRVKLDGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGSEAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGIILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTW |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRALLQELSKLGYRVSAK |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALY |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPAT |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRIITETTKNAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 1686 | MPAAKRVKLDGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGSEAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVW |
| | AEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFLDLGIILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTW |
| | YSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRLLQELSKLGYRVSAK |
| | KAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALY |
| | VDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPAT |
| | LLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVH |
| | GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRIITETTKNAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 1690 | MPAAKRVKLDGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

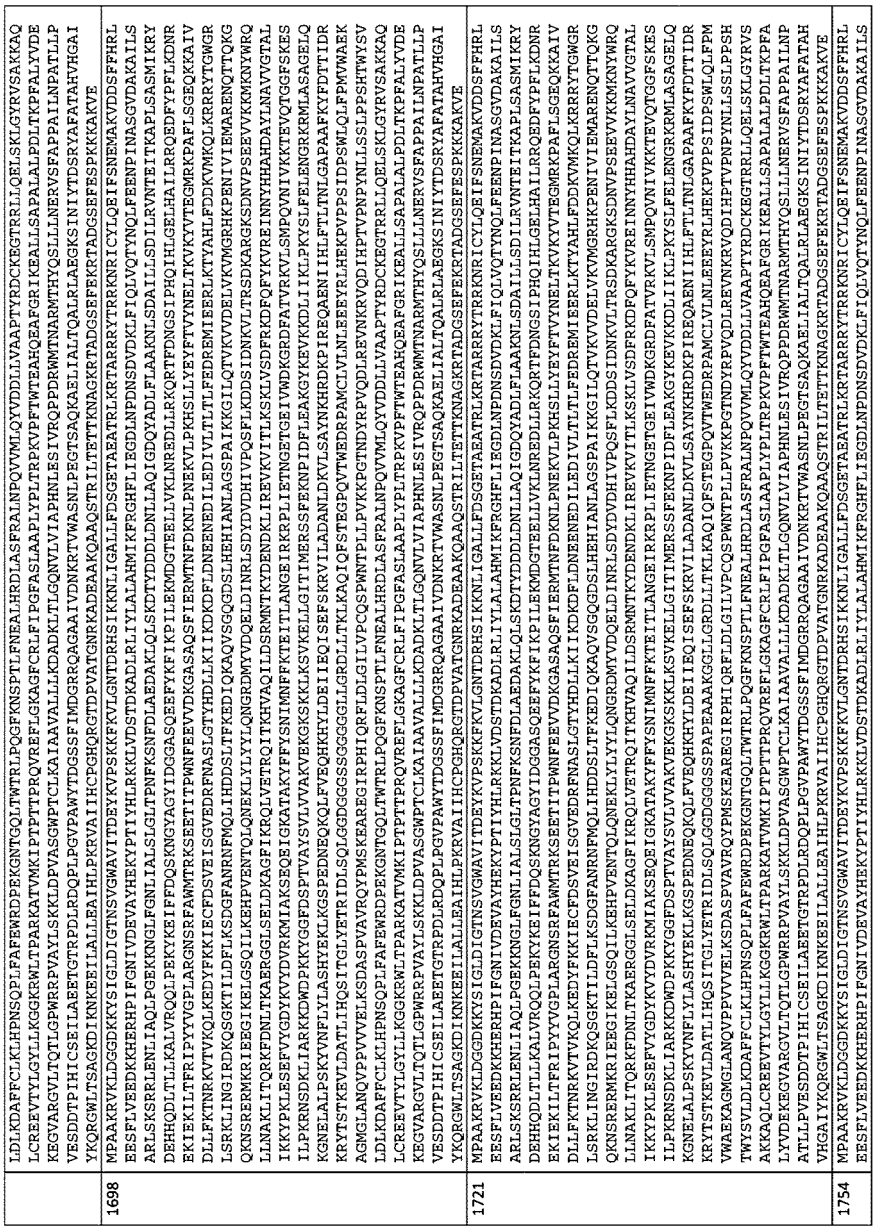
【０６５４】

【表Ａ１－１１２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGSGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFDLDGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSPAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1691 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEK |
| | AEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFDLDGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTW |
| | YSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAK |
| | KAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALY |
| | VDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSPAPPAILNPAT |
| | LLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVH |
| | GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1695 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEK |
| | AGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEARERGIRPHIQRFDLDGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSV |

【０６５５】

【表Ａ１－１１３】



| | |
|---|---|
| | LDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQ |
| | LCREEVTYLGYLLKGGKEWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAFQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDE |
| | KEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLP |
| | VESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI |
| | YKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1698 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | AGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHTWYSV |
| | LDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQ |
| | LCREEVTYLGYLLKGGKEWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAFQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDE |
| | KEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLP |
| | VESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAI |
| | YKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1721 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSPAPEAAAKGGLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVFPPSIDPSWLQLFPM |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1754 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６５６】

【表Ａ１－１１４】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKV |
| | YPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVEL |
| | KSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNS |
| | QPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGG |
| | KRWLTPARKAIVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILA |
| | EETGTRPDLRDQPLPGVPAWTTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKN |
| | KEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1759 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSEAAAKGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKV |
| | YPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVEL |
| | KSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNS |
| | QPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGG |
| | KRWLTPARKAIVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILA |
| | EETGTRPDLRDQPLPGVPAWTTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKN |
| | KEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1769 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６５７】

【表Ａ１－１１５】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKV |
| | YPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVVAEKAGMGLANQVPPVVVEL |
| | KSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNS |
| | QPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGG |
| | KRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILA |
| | EETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKN |
| | KEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1770 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKV |
| | YPWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVVAEKAGMGLANQVPPVVVEL |
| | KSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNS |
| | QPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGG |
| | KRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPW |
| | RRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNPATLLPVESDDTPIHICSEILA |
| | EETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKN |
| | KEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1772 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６５８】

【表Ａ１－１１６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSSGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVYPWTT |
| | KRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDAS |
| | PVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFA |
| | FEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLT |
| | PARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLNERVSFAPPAIINPATLLPVESDDTPIHICSEILAETGT |
| | RPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIL |
| | ALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1773 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVY |
| | PWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELK |
| | SDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQ |
| | PLPAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGK |
| | RWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLNERVSFAPPAIINPATLLPVESDDTPIHICSEILAE |
| | ETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNK |
| | EEIIALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1856 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSSGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVY |
| | PWTTKRLLKIGQKQVTHSFLVIPECPAPLLGRDLLTKLKAQIQFSTEGPQVTWEDRPAMCLVLNLEEEYRLHEKPVPPSIDPSWLQLFPMVWAEKAGMGLANQVPPVVVELK |
| | SDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQ |
| | PLPAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVSAKKAQLCREEVTYLGYLLKGGK |
| | RWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFALYVDEKEGVARGVLTQTLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLNERVSFAPPAIINPATLLPVESDDTPIHICSEILAE |
| | ETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNK |
| | EEIIALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1856 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSSGGTLGDQGSRGSDPLPEPRVTLTVEGIPTEFLVNTGAEHSVLTKPMGKMGSKRTVVAGATGSKVY |
| | PWGMGISQGLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |

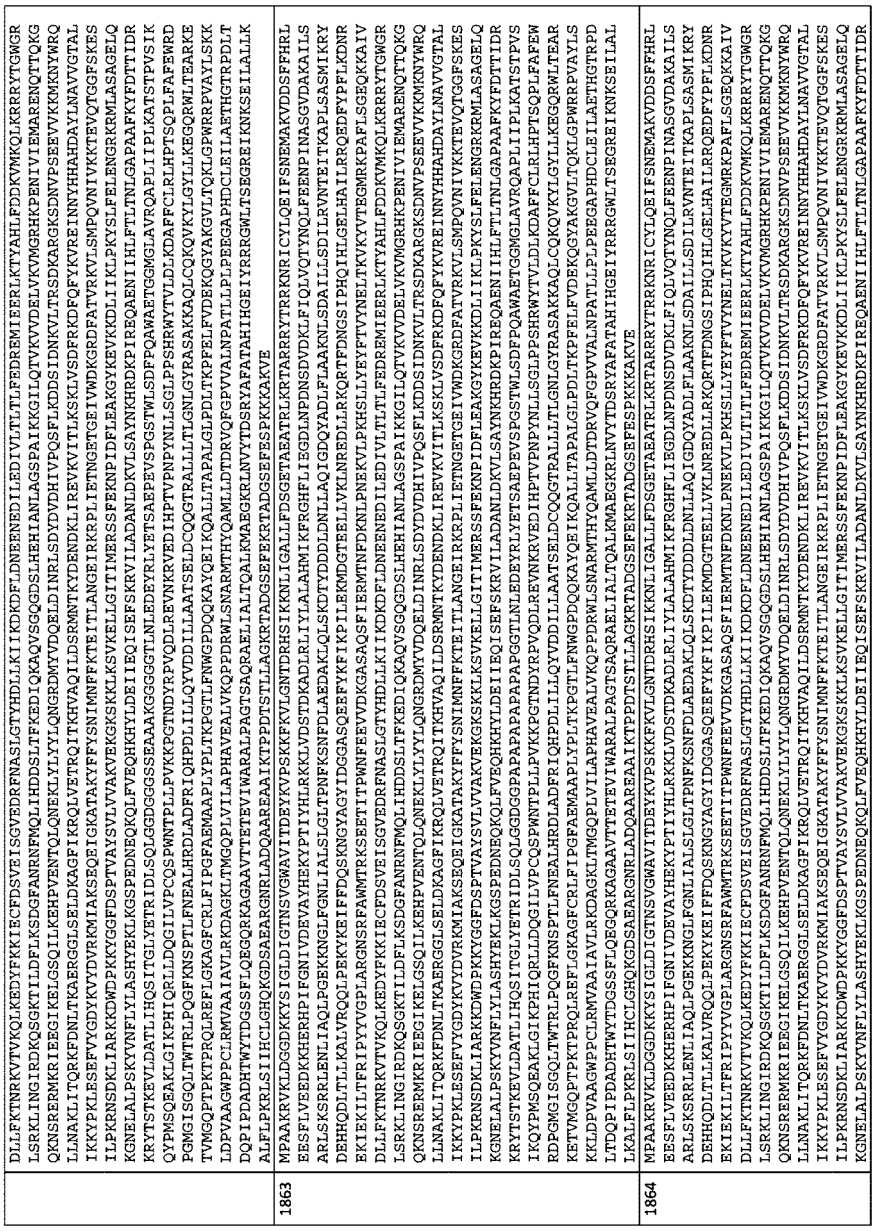
【０６５９】

【表Ａ１－１１７】

| | |
|---|---|
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1857 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPGSSGGTLNLEDEYRLVETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1860 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPGSSGGTLNLEDEYRLVETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1861 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６６０】

【表Ａ１－１１８】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLRIIAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1863 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNLEDEYRLVETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPD |
| | LTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALL |
| | LKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1864 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６６１】

【表Ａ１－１１９】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1865 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAE |
| | THGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKN |
| | KSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1867 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６６２】

【表Ａ１－１２０】

| | |
|---|---|
| 1868 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ<br>EAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKT<br>TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK<br>GWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDL<br>RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | 1870 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSAAGSGFGGTGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI<br>KQYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR<br>DPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK<br>ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK<br>KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDL<br>TDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALL<br>KALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG | | |

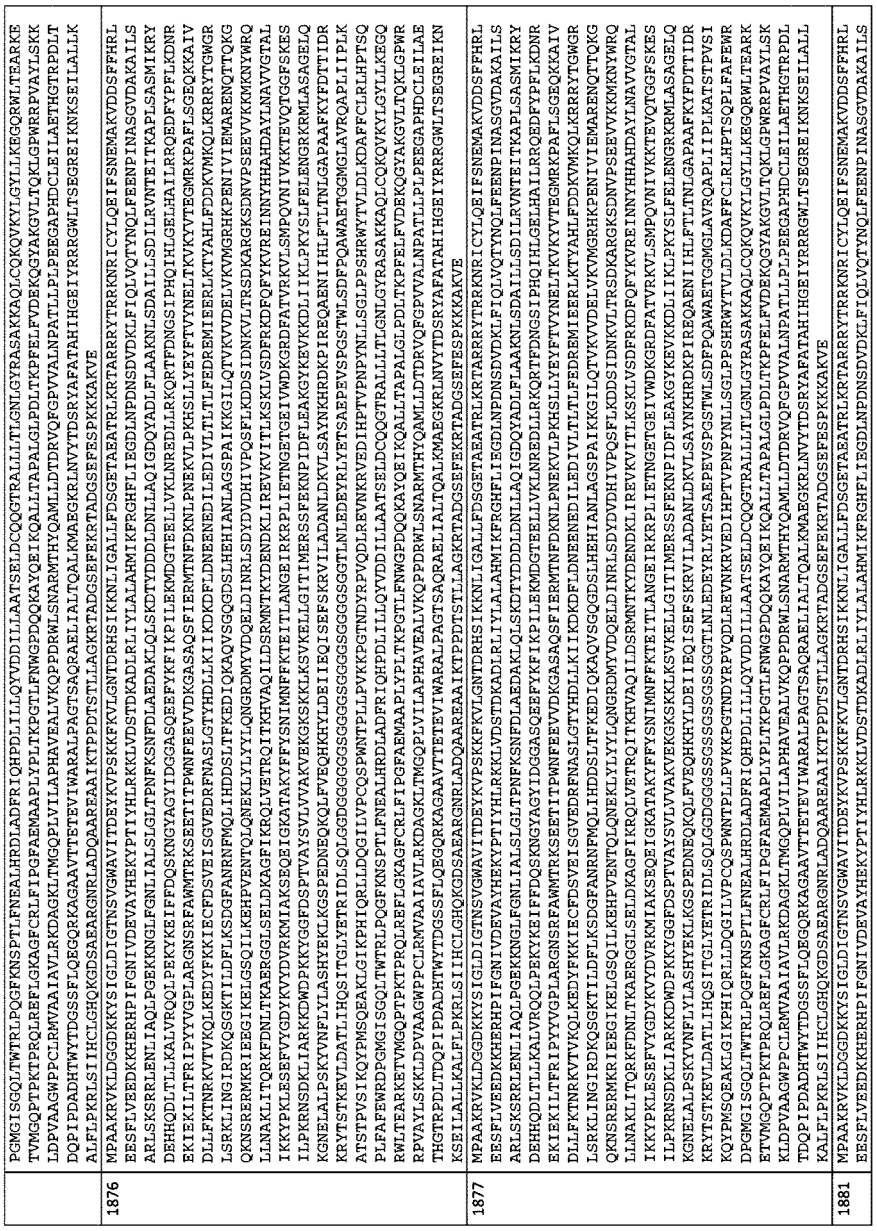
【０６６３】

【表Ａ１－１２１】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGTINLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGTINLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1875 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGGEAAAKGGTINLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

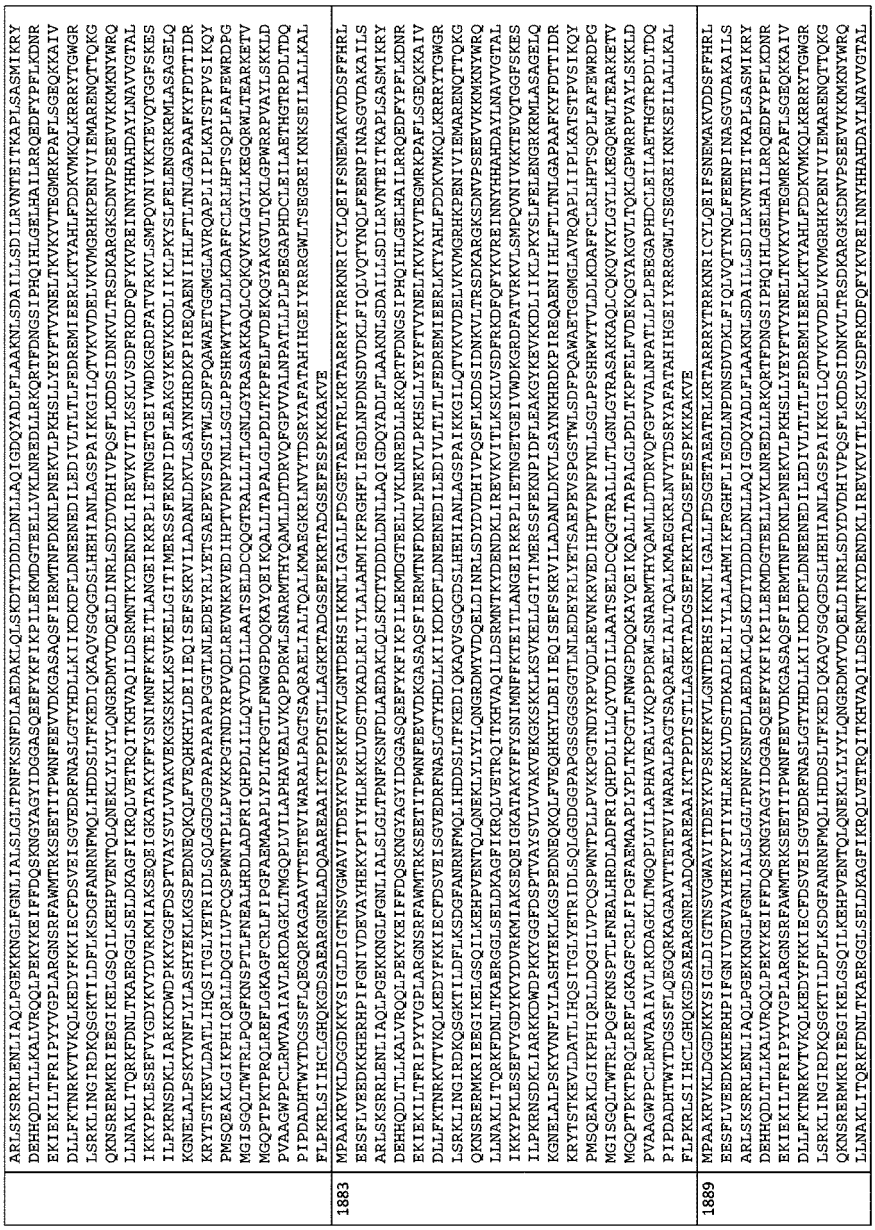
【０６６４】

【表Ａ１－１２２】



| | |
|---|---|
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1876 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGTGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGS

【表Ａ１－１２３】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1883 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1889 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

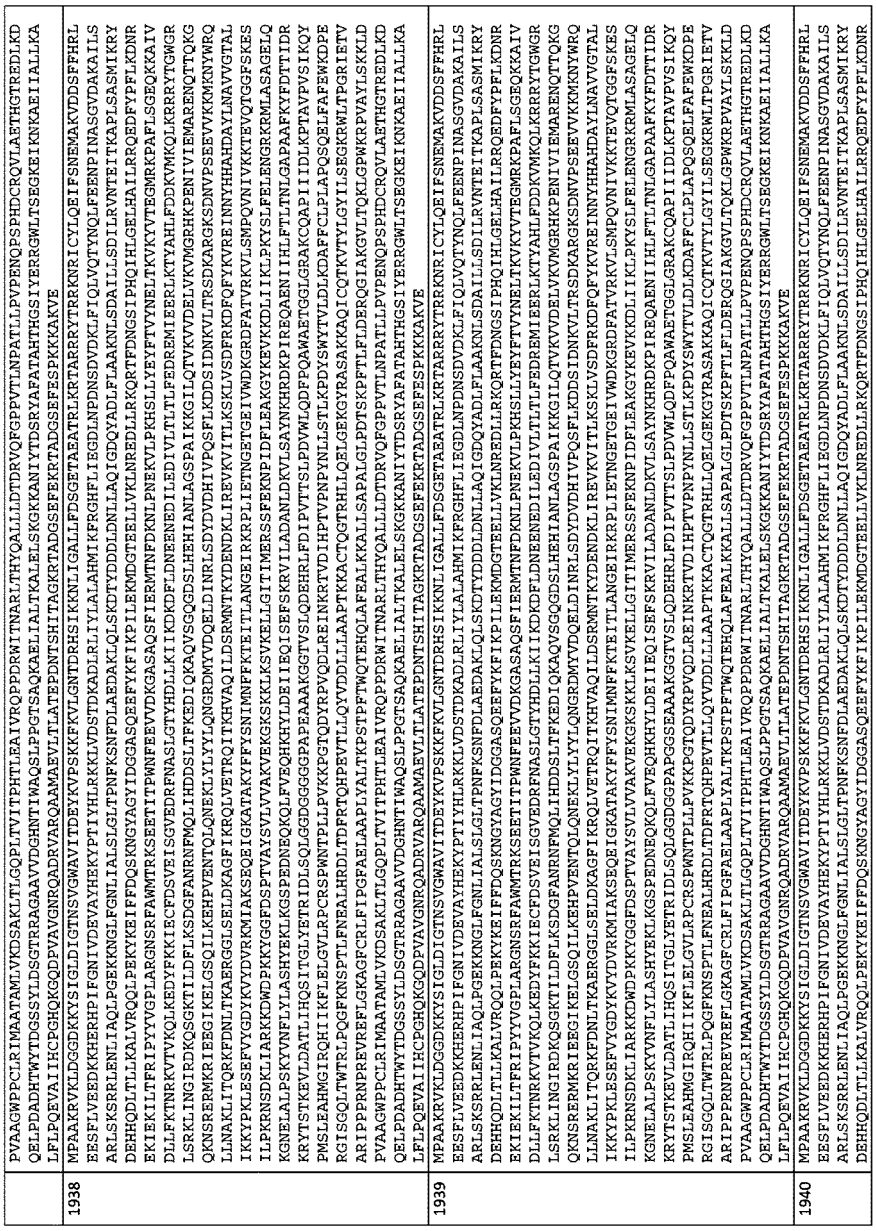
【０６６６】

【表Ａ１－１２４】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQQKVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEBGAPHDCLEIILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1899 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSEAAAKGGTLNLEDEYRLYETSAEPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPG |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEBGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1937 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |

【０６６７】

【表Ａ１－１２５】



| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWTDGSSYLDSGTRRAGAAVDVGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKQGDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1938 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPEGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | ARIPPPRNPREVRBFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWTDGSSYLDSGTRRAGAAVDVGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKQGDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1939 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPEGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKEWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVRBFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWTDGSSYLDSGTRRAGAAVDVGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKQGDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1940 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６６８】

10

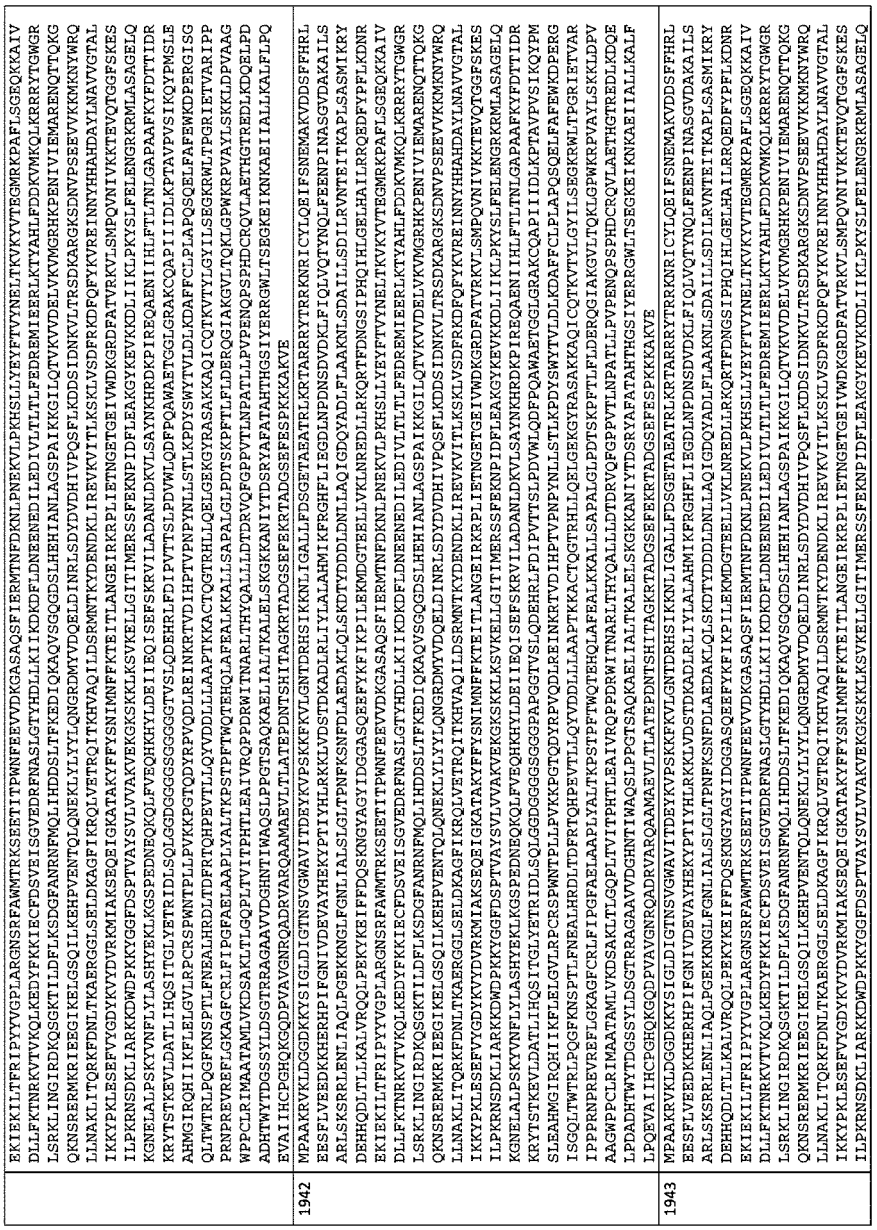
20

30

40

50

【表Ａ１－１２６】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLE |
| | AHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPP |
| | PRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAG |
| | WPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRTEDLKDQELPD |
| | ADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | EVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1942 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRTEDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1943 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６６９】

【表Ａ１－１２７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWYTDGSSYILDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1945 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEA |
| | HMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPP |
| | RNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPDA |
| | DHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRVAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQE |
| | VAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1949 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGSKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGR |
| | IETVARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTRE |

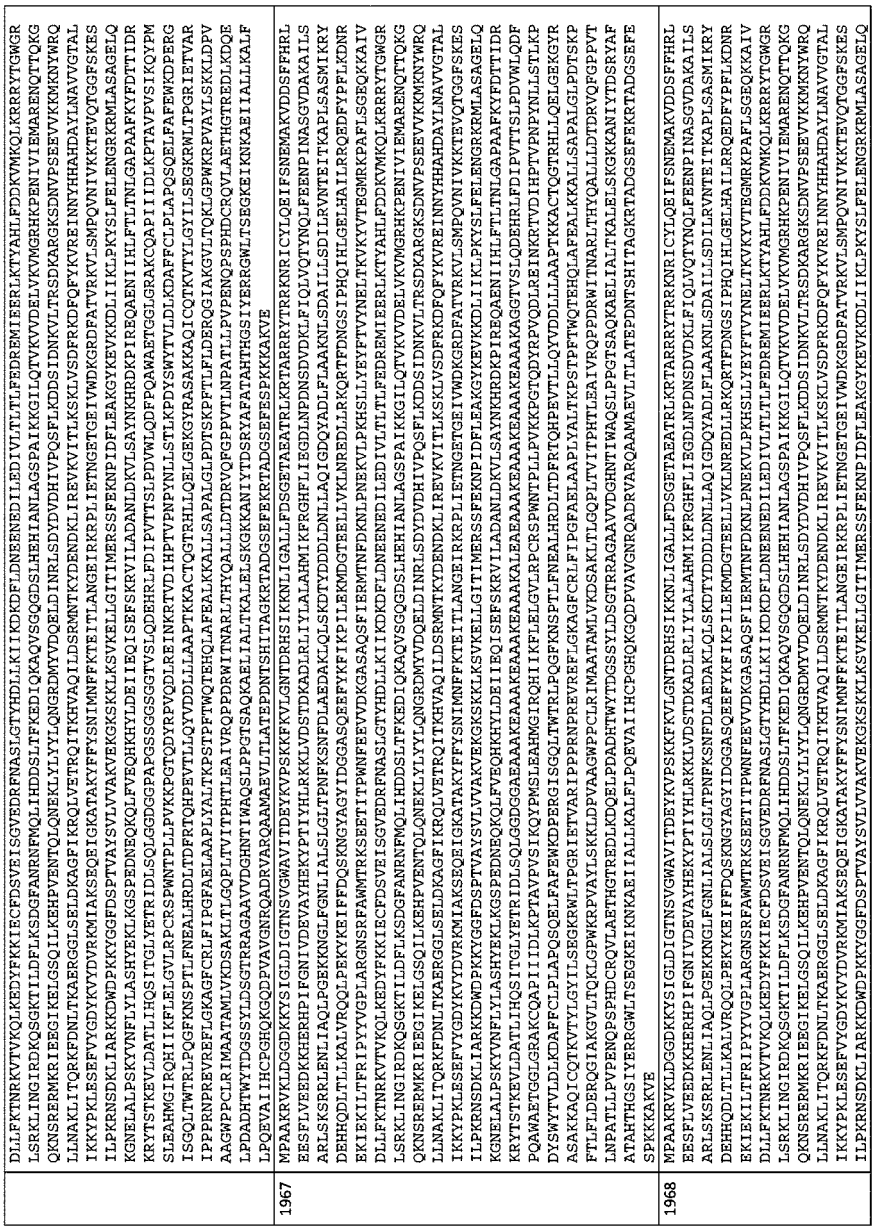
【０６７０】

【表Ａ１－１２８】

| | |
|---|---|
| | DLKDQELPDADHTWTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIA |
| | LLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1951 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSL |
| | PMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGIS |
| | RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTVLGYILSEGKRWLTPGRIETV |
| | ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEAIKKALISAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD |
| | QELPDADHTWTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA |
| | LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1953 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSL |
| | EAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTVLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIP |
| | PPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEAIKKALISAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELP |
| | DADHTWTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLP |
| | QEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1961 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６７１】

【表Ａ１－１２９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM<br>SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG<br>ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR<br>IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV<br>AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE<br>LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF<br>LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVTLTATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEPKRTADGSEFEPKKKAKVE |
| 1967 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAAKEAAAAKALEAEAAAAKEAAAAKAGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDF<br>PQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKP<br>DYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYR<br>ASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKP<br>FTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVT<br>LNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAF<br>ATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVTLTATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEPKRTADGSEFE<br>SPKKKAKVE |
| 1968 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６７２】

【表Ａ１－１３０】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQY<br>PMSLEAAHGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPE<br>RGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETV<br>ARIPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFDEROGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKD<br>QELPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKA<br>LFLPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSSFESPKKKAKVE |
| 1970 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPMSLE<br>AHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERGISG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVARIPP<br>PRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFDEROGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPVAAG<br>WPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQELPD<br>ADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALFLPQ<br>EVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFEKRTADGSSFESPKKKAKVE |
| 1976 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM<br>SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG<br>ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR<br>IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPLYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFDEROGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV<br>AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |

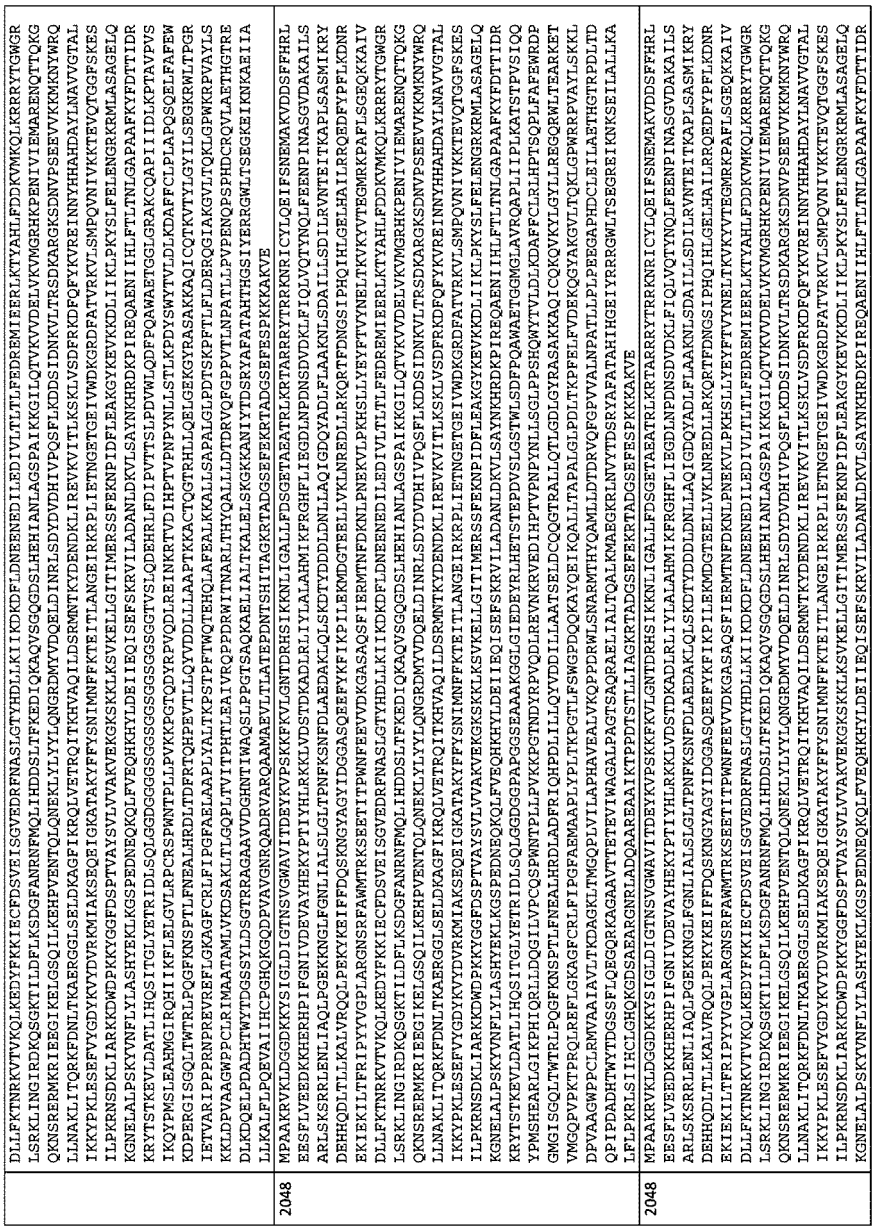
【０６７３】

【表Ａ１－１３１】

| | |
|---|---|
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRYAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1978 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLFPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPIYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRVAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1991 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGSGGTVSLQDEHRLFDIPVTTSLPDVWLQDFPQAWAETGGLGRAKCQAPIIIDLKPTAVPVSIKQYPM |
| | SLEAHMGIRQHIIKFLELGVLRPCRSPWNTPLLPVKKPGTQDYRPVQDLREINKRTVDIHPTVPNPYNLLSTLKPDYSWYTVLDLKDAFFCLPLAPQSQELFAFEWKDPERG |
| | ISGQLTWTRLFPQGFKNSPTLFNEALHRDLTDFRTQHPEVTLLQYVDDLLLAAPTKKACTQGTRHLLQELGEKGYRASAKKAQICQTKVTYLGYILSEGKRWLTPGRIETVAR |
| | IPPPRNPREVREFLGKAGFCRLFIPGFAELAAPIYALTKPSTPFTWQTEHQLAFEALKKALLSAPALGLPDTSKPFTLFLDERQGIAKGVLTQKLGPWKRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRIMAATAMLVKDSAKLTLGQPLTVITPHTLEAIVRQPPDRWITNARLTHYQALLLDTDRVQFGPPVTLNPATLLPVPENQPSPHDCRQVLAETHGTREDLKDQE |
| | LPDADHTWYTDGSSYLDSGTRRAGAAVVDGHNTIWAQSLPPGTSAQKAELIALTKALELSKGKKANIYTDSRVAFATAHTHGSIYERRGWLTSEGKEIKNKAEIIALLKALF |
| | LPQEVAIIHCPGHQKGQDPVAVGNRQADRVARQAAMAEVLTLATEPDNTSHITAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 1992 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６７４】

【表Ａ１－１３２】



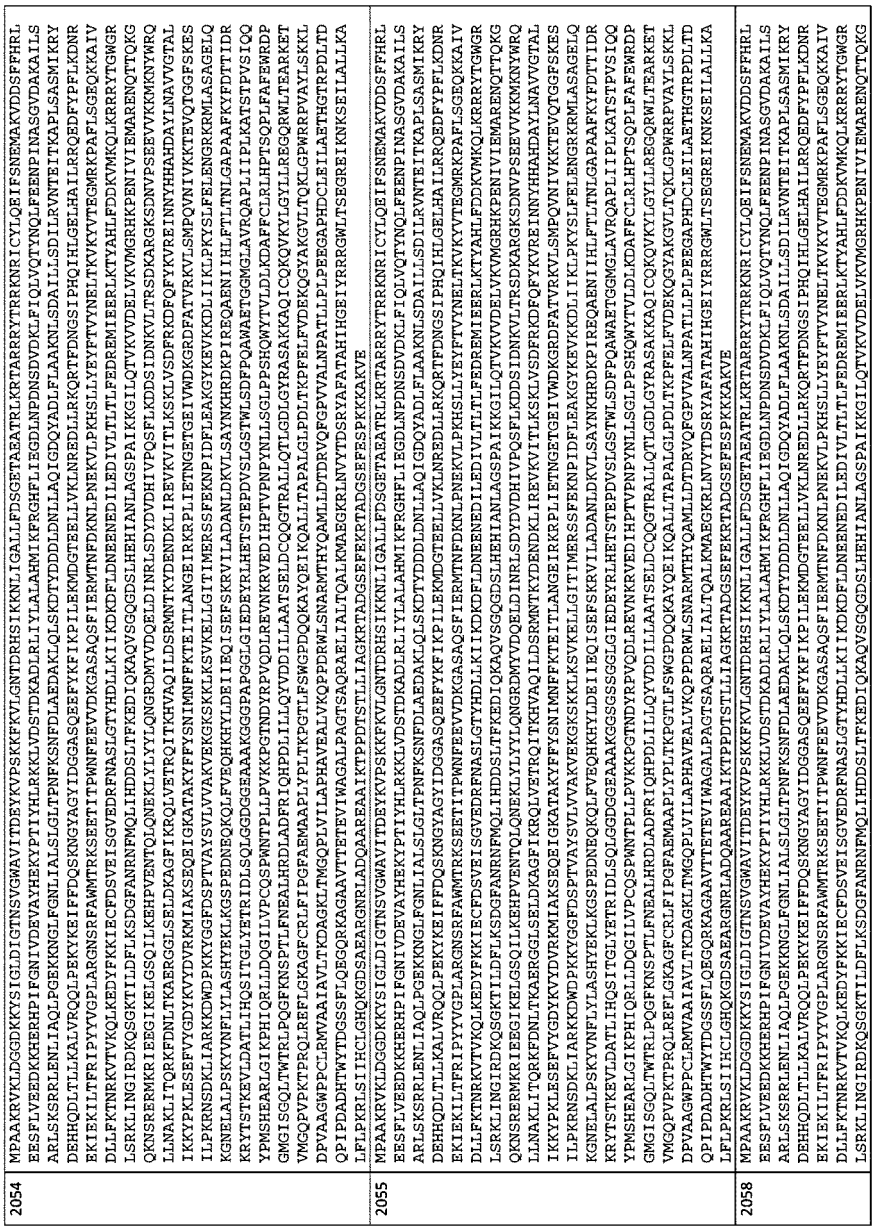
【０６７５】

【表Ａ１－１３３】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSRAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2049 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPV |
| | SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEA |
| | RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRP |
| | DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA |
| | LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2050 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSRAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPV |
| | SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEA |
| | RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRP |
| | DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA |
| | LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６７６】

【表Ａ１－１３４】



| | |
|---|---|
| 2054 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGPCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRDIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2055 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGPCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRDIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2058 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

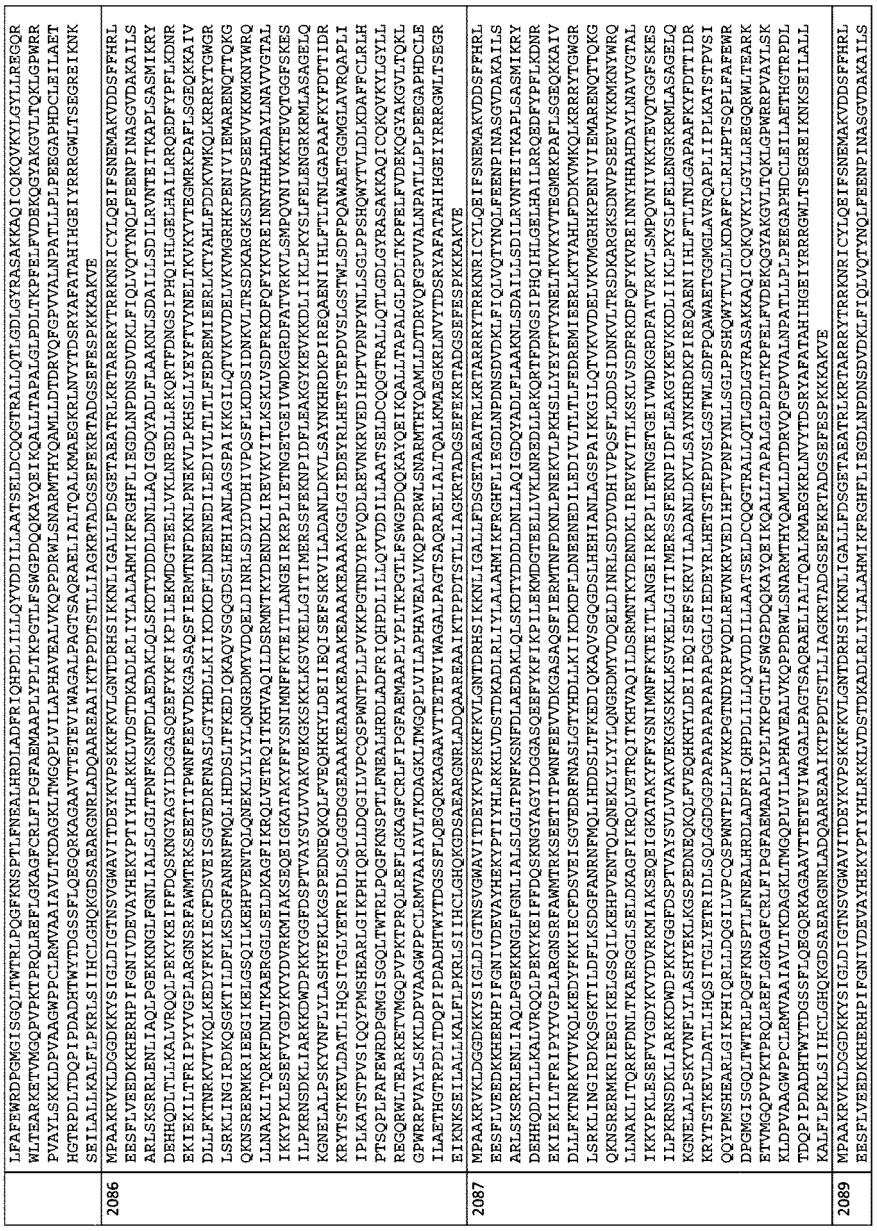
【０６７７】

【表Ａ１－１３５】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAEIIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2060 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAEIIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2085 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKA |
| | TSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQP |

【０６７８】

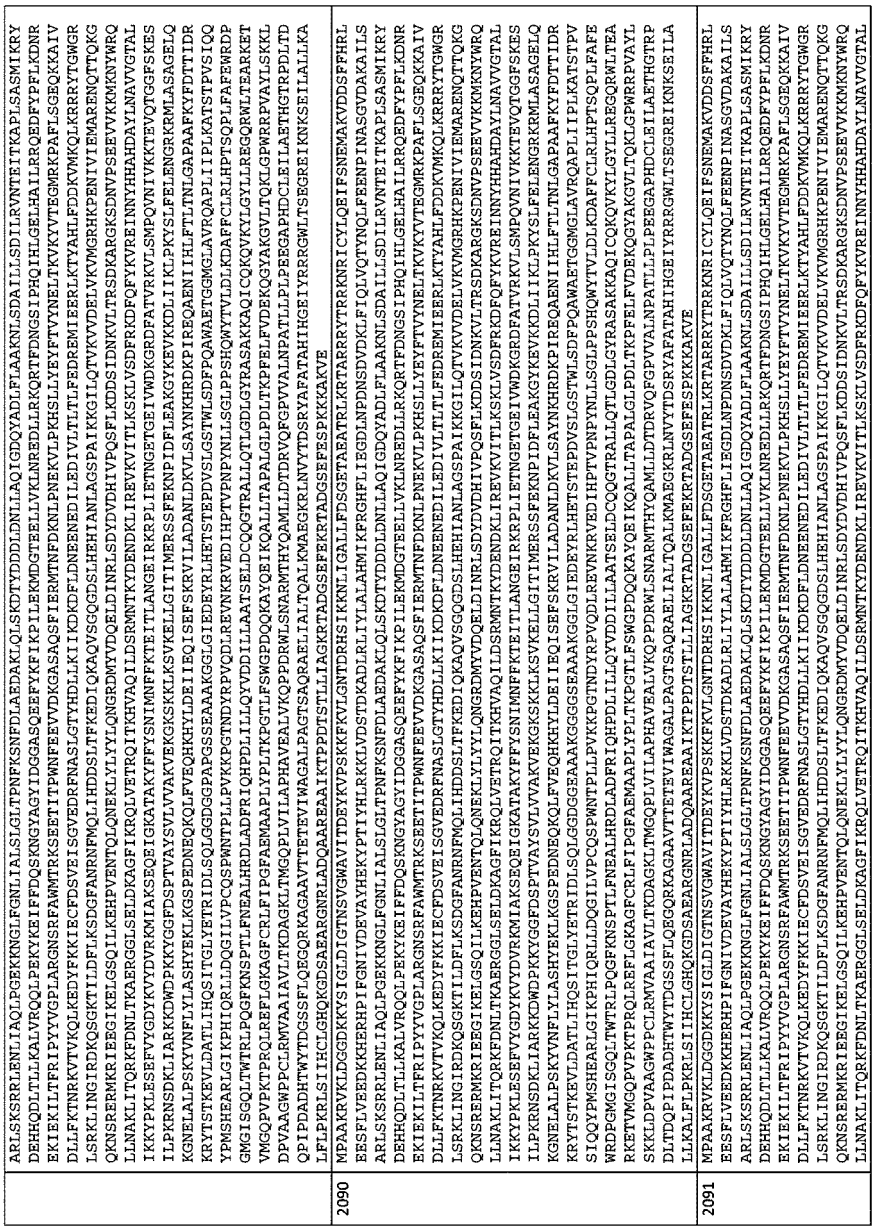
【表Ａ１－１３６】



| | |
|---|---|
| | LFAPEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQR |
| | WLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRR |
| | PVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAET |
| | HGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNK |
| | SEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2086 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLI |
| | IPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLH |
| | PTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLL |
| | REGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKL |
| | GPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLE |
| | ILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGR |
| | EIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2087 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | QQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDL |
| | TDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2089 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６７９】

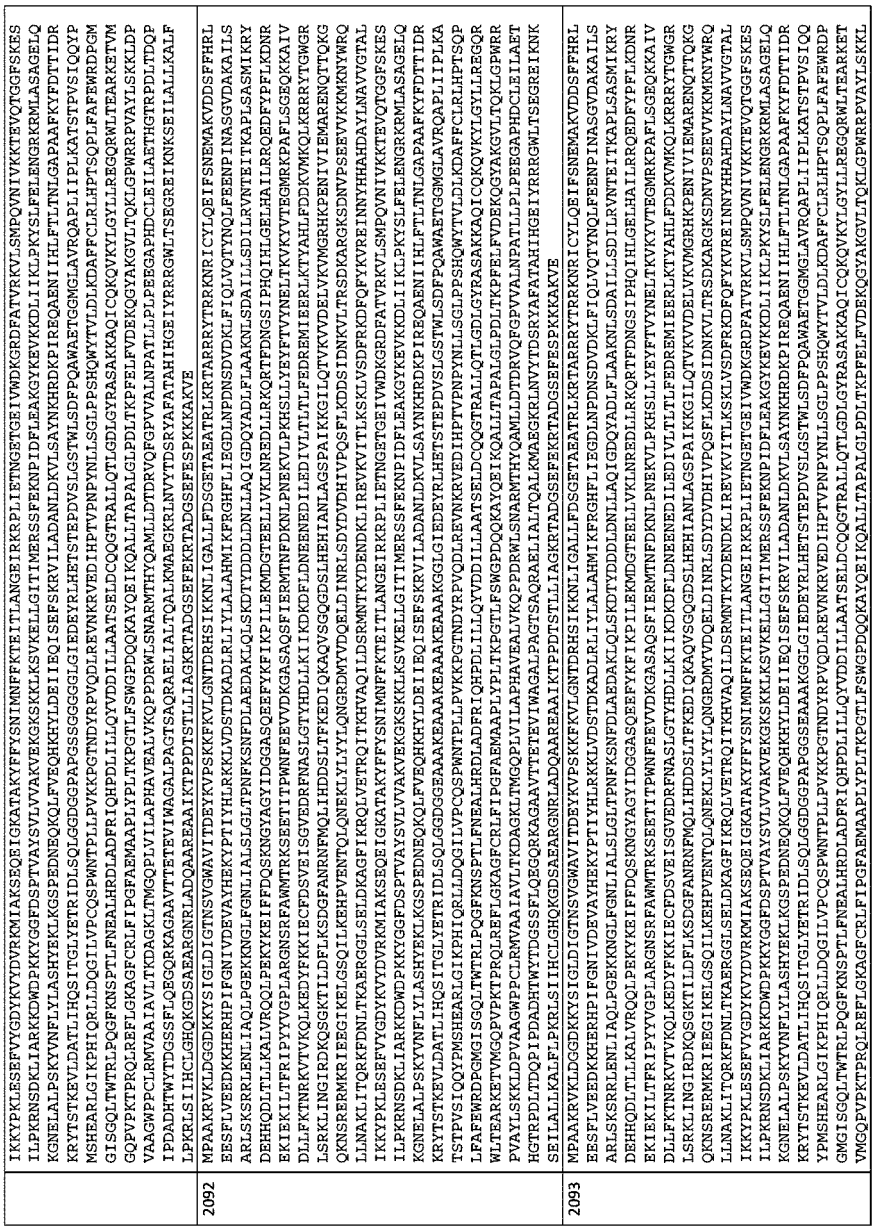
【表Ａ１－１３７】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNILAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2090 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNILAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2091 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNILAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０６８０】

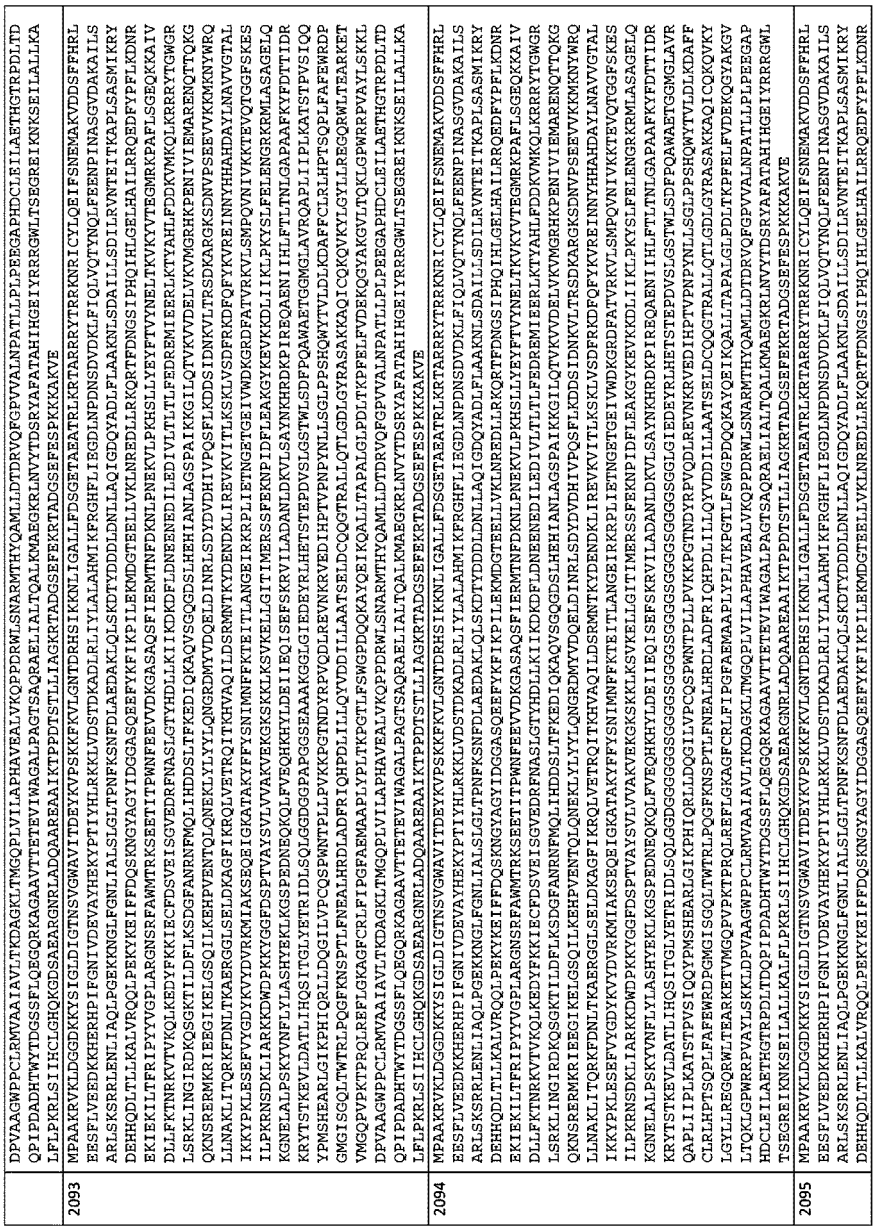
【表Ａ１－１３８】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2092 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGSGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | TSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQP |
| | LFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQR |
| | WLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRR |
| | PVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAET |
| | HGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNK |
| | SEIIALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |

【０６８１】

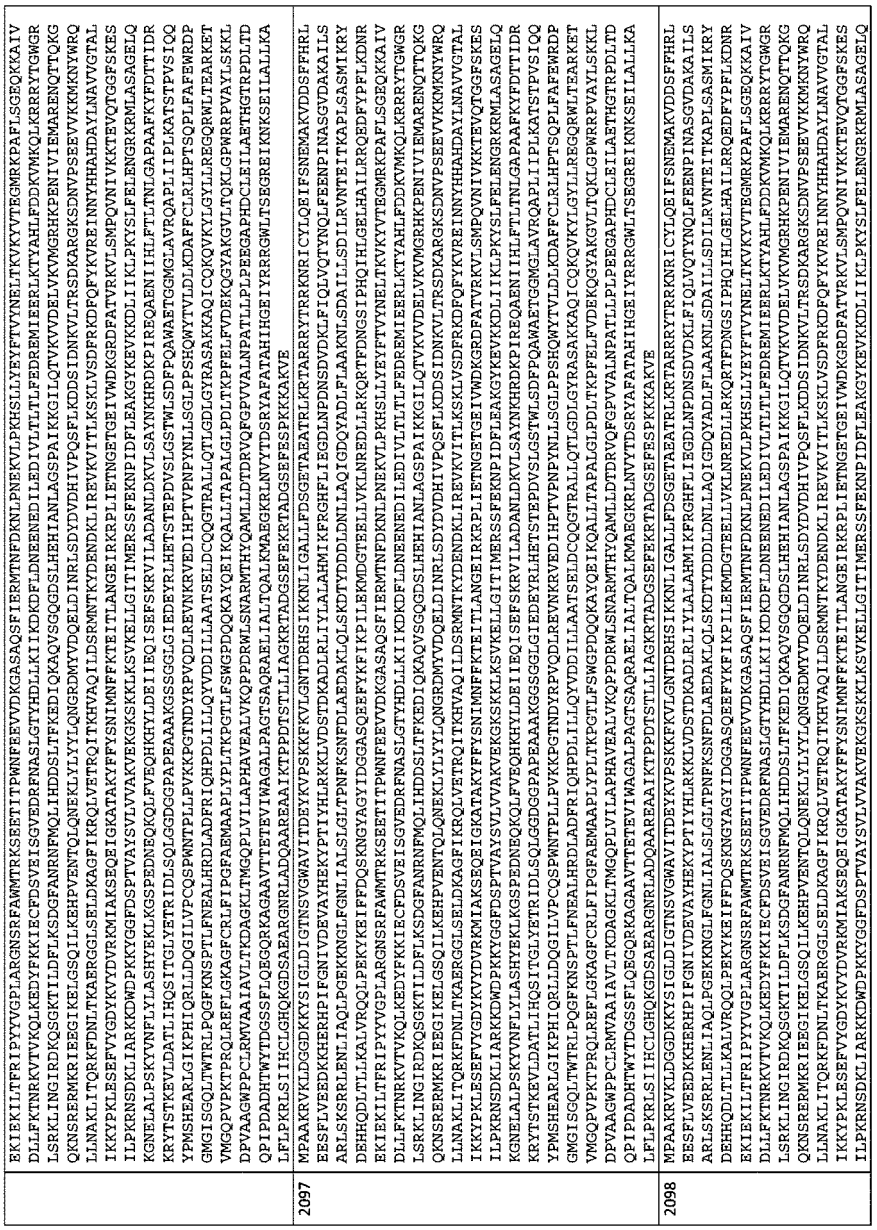
【表Ａ１－１３９】



| | |
|---|---|
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2094 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2095 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６８２】

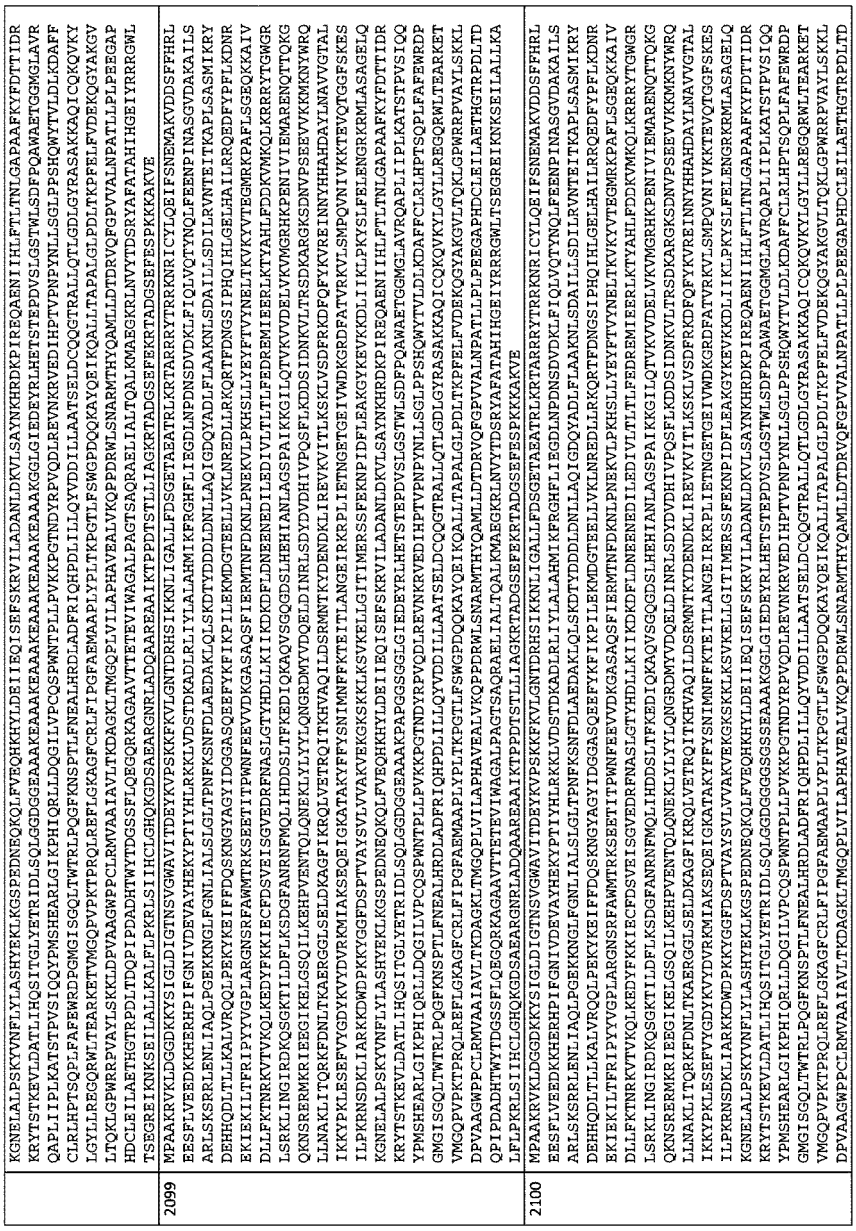
【表Ａ１－１４０】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAKGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLRELVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2097 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAKGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLRELVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAEAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2098 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０６８３】

【表Ａ１－１４１】



| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVR |
| | QAPLIPLKATSTPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFF |
| | CLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKY |
| | LGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGV |
| | LTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLVKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAP |
| | HDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWL |
| | TSEGREIKNKSEILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2099 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGGIGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLVKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2100 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGGIGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLVKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |

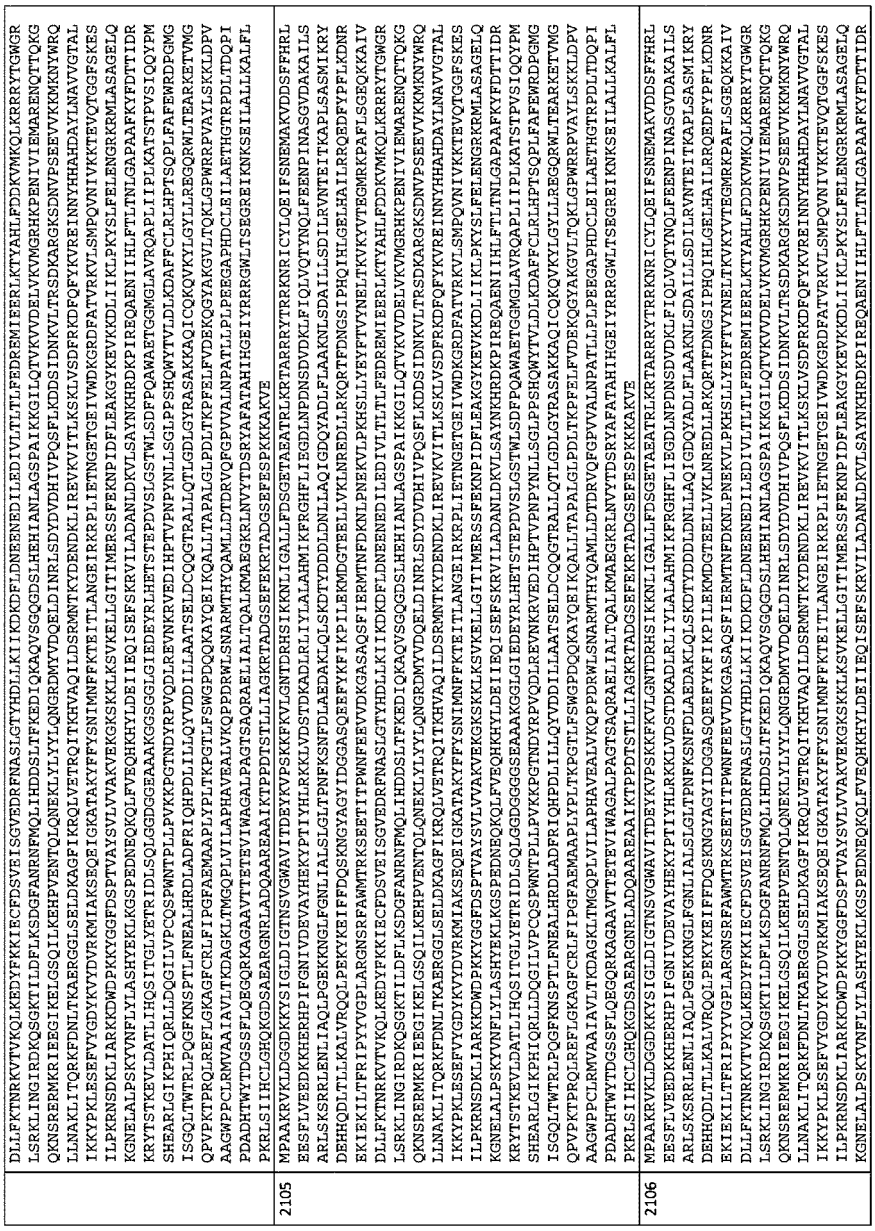
【０６８４】

【表Ａ１－１４２】

| | |
|---|---|
| | QPIPDADHTWTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSBFEKRKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2101 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2102 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETT |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSBFEKRKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2104 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６８５】

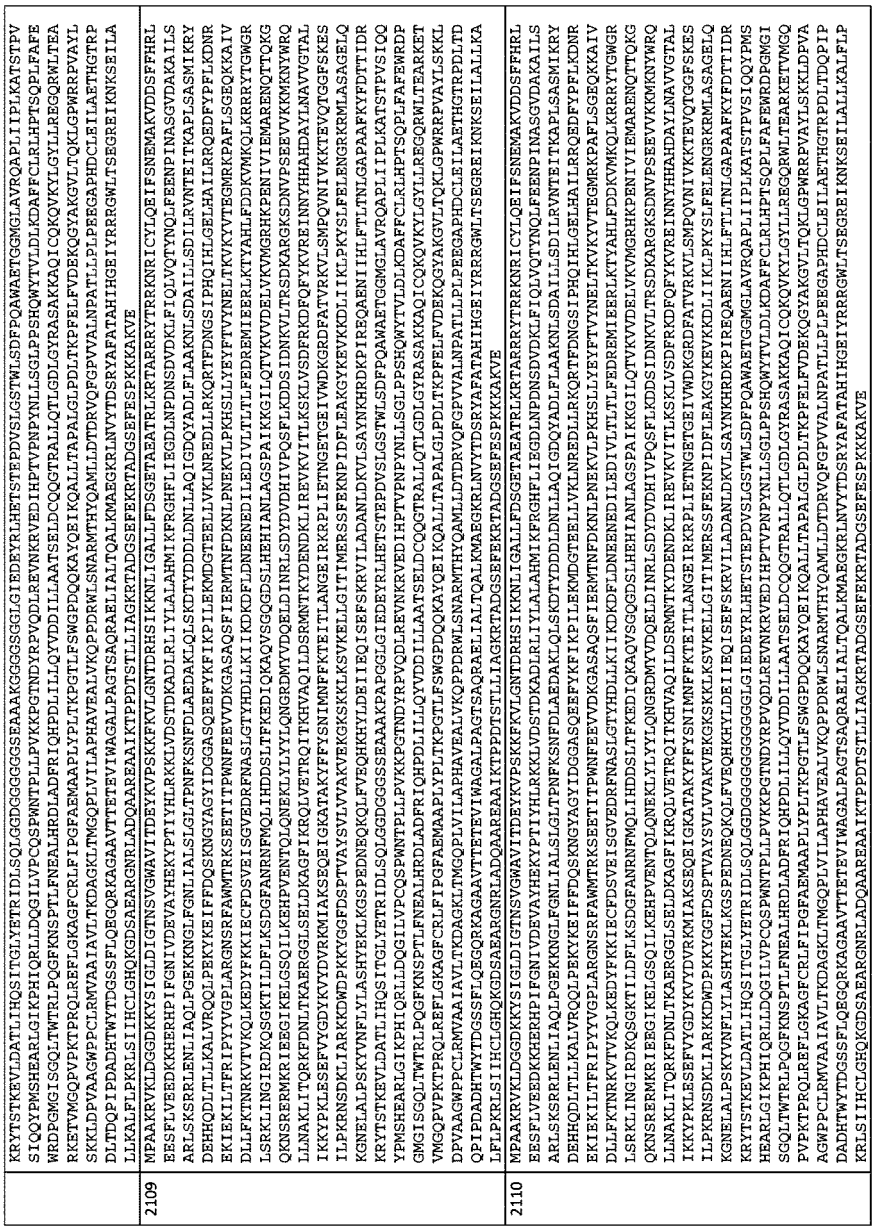
【表Ａ１－１４３】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGLGIEDEYRLIHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPM |
| | SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG |
| | QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPI |
| | PDADHTWTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFL |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2105 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2106 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６８６】

【表Ａ１－１４４】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPV |
| | SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEA |
| | RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRP |
| | DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA |
| | LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2109 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０６８７】

【表Ａ１－１４５】

| | |
|---|---|
| 2112 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2114 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP<br>MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM<br>GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP<br>IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2115 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６８８】

【表Ａ１－１４６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTRPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQVPM |
| | SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKEVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG |
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMG |
| | QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLIKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPI |
| | PDADHTWYTDGSSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFL |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2116 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTRPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | SIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKEVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFE |
| | WRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEA |
| | RKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYL |
| | SKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLIKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRP |
| | DLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILA |
| | LLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE AAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKEVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |

【０６８９】

50

【表Ａ１－１４７】

| | |
|---|---|
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2120 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2122 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2123 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０６９０】

【表Ａ１－１４８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2131 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHEAR |
| | LGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISGQL |
| | TWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPVPK |
| | TPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWP |
| | PCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPDADH |
| | TWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRBIKNKSEILALLKALFLPKRLS |
| | IIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2132 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

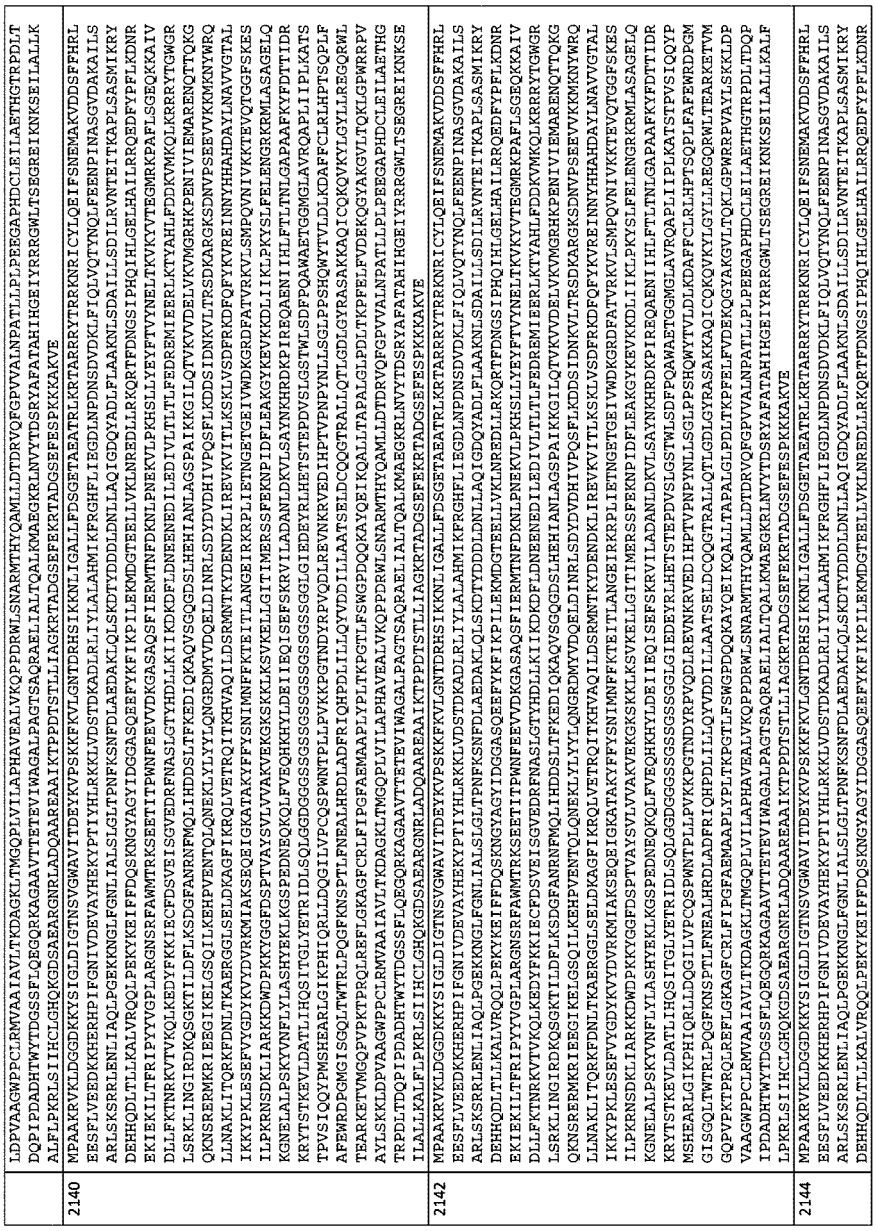
【０６９１】

【表Ａ１－１４９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVVDLLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LPLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2133 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQVP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVVDLLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2137 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVVDLLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０６９２】

【表Ａ１－１５０】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEPSPKKAKAVE |
| 2140 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSSGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | TPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | AFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLRESQRWLL |
| | TEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHG |
| | TRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSE |
| | ILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEPSPKKAKAVE |
| 2142 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSSGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLRESQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEPSPKKAKAVE |
| 2144 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０６９３】

【表Ａ１－１５１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSHE |
| | ARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGISG |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLGREGQRWLTEARKETVMGQPV |
| | PKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAG |
| | WPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLELAETHGTRPDLTDQPIPDA |
| | DHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPKR |
| | LSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2145 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSRAAAKGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLGREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLELAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2146 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

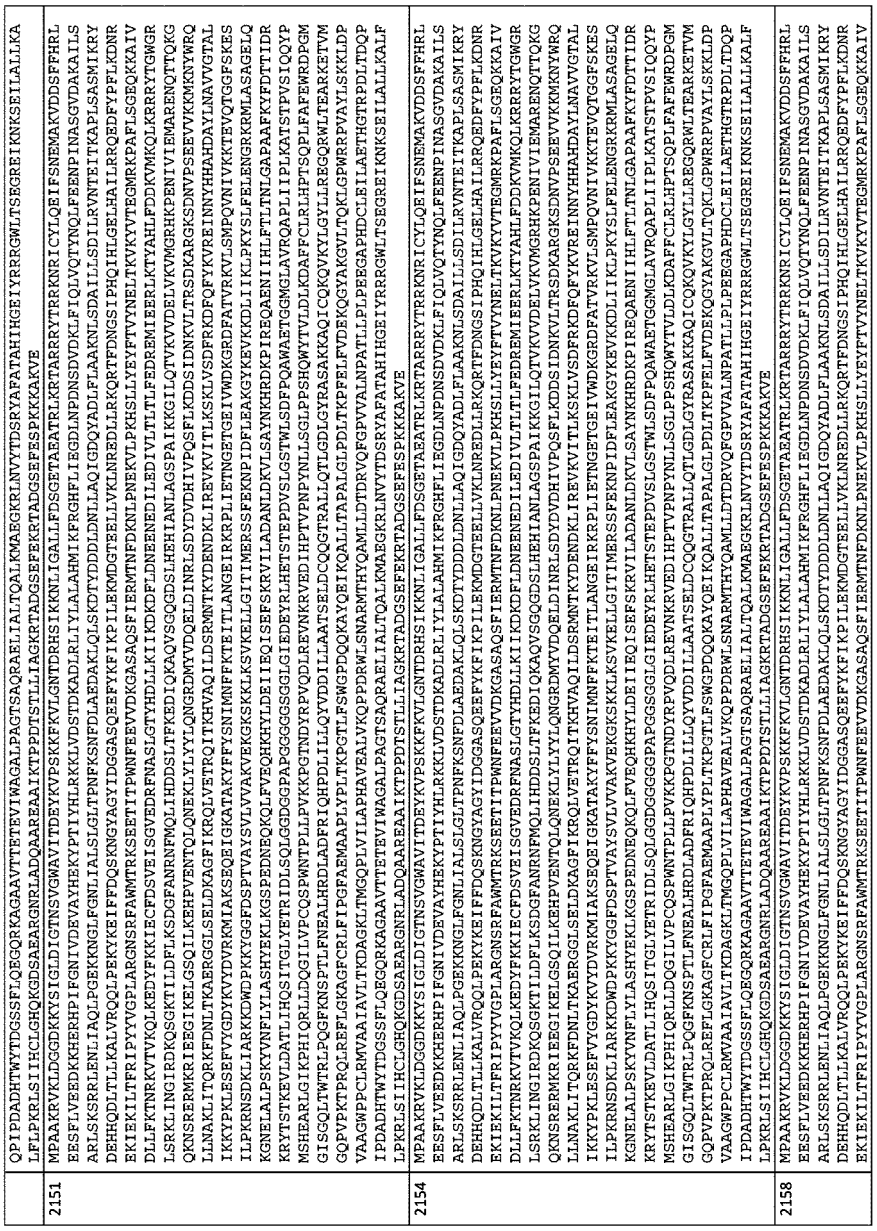
【０６９４】

【表Ａ１－１５２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2148 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSH<br>EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS<br>GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQP<br>VPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA<br>GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD<br>ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPK<br>RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2149 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSH<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |

【０６９５】

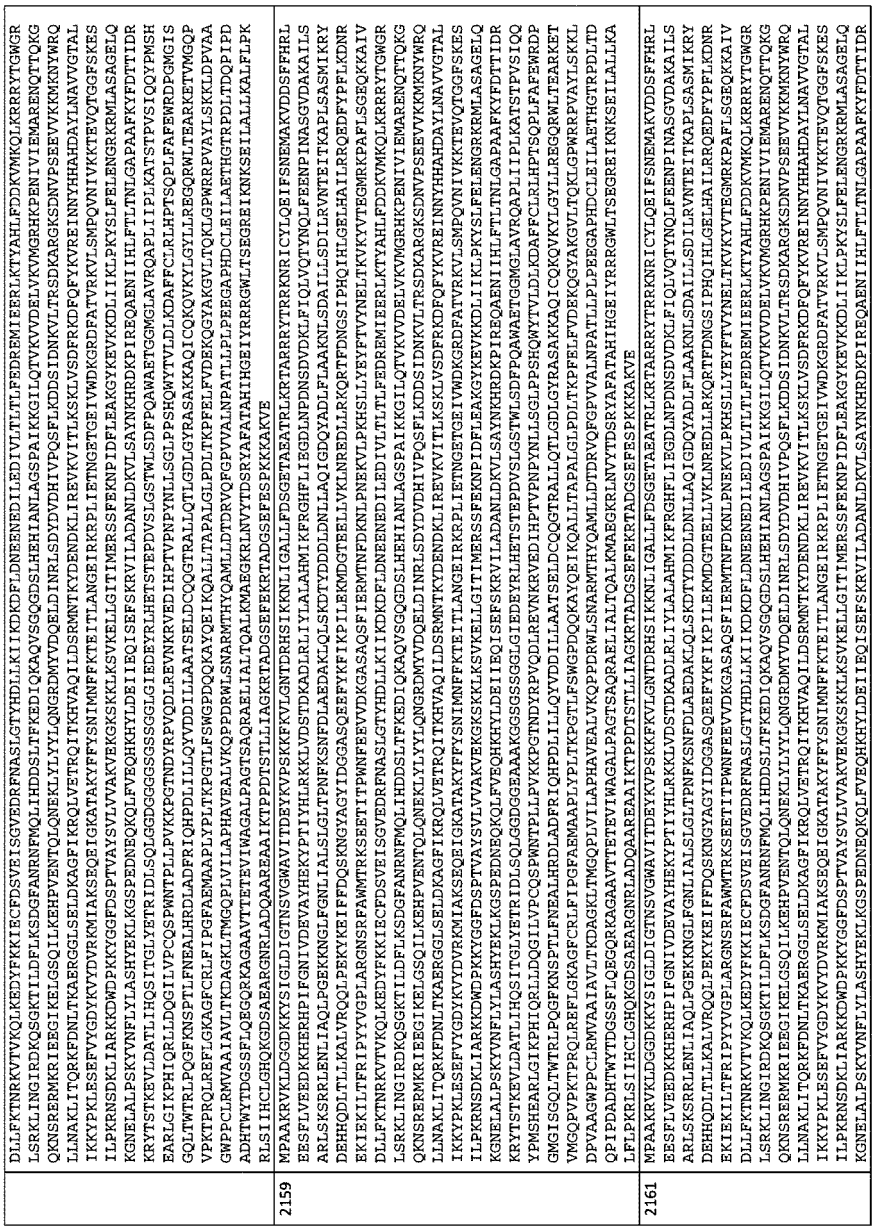
【表Ａ１－１５３】



| | |
|---|---|
| | QPIPDADHTWTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2151 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2154 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2158 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０６９６】

【表Ａ１－１５４】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPMSH |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | VPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2159 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2161 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０６９７】

【表Ａ１－１５５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSAAAKGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ |
| | YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKET |
| | VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTD |
| | QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARDAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEPKKKAKVE |
| 2165 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARDAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEPKKKAKVE |
| 2172 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSAAAKGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARDAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEPKKKAKVE |

【０６９８】

【表Ａ１－１５６】

| | |
|---|---|
| 2174 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQ<br>YPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>GMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET<br>VMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>QPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK<br>LFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2187 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPAPAPAPGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ<br>QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE<br>TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARAAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2188 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０６９９】

【表Ａ１－１５７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIQQYPWSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFBWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LRESQRWLTEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCL |
| | EILAETHGTRPDLTDQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | REIKNKSEIIALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2190 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARE |
| 2192 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPEAAAKGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０７００】

【表Ａ１－１５８】

| | |
|---|---|
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2196 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSEAAAKGGTLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQ |
| | QYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPVPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2225 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2226 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７０１】

【表Ａ１－１５９】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSEAAAKGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQPARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAATAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2227 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2231 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７０２】

【表Ａ１－１６０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGSSGGTLNIEDEVRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2235 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEVRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2236 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |

【０７０３】

【表Ａ１－１６１】

| | |
|---|---|
| | DPVPAAGWPPCLRWVAAIAVLTKDAGKLTWGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDIMD |
| | QPLPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKBIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSITHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2249 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGSSGSSGSSGSSGSSGTGLIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQPARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARFVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2280 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGSSGSSGSSGSSGTGLIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQPARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARFVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2299 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７０４】

【表Ａ１－１６２】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2300 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGS

【表Ａ１－１６３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICCQKVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2302 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP<br>DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2303 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP<br>DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

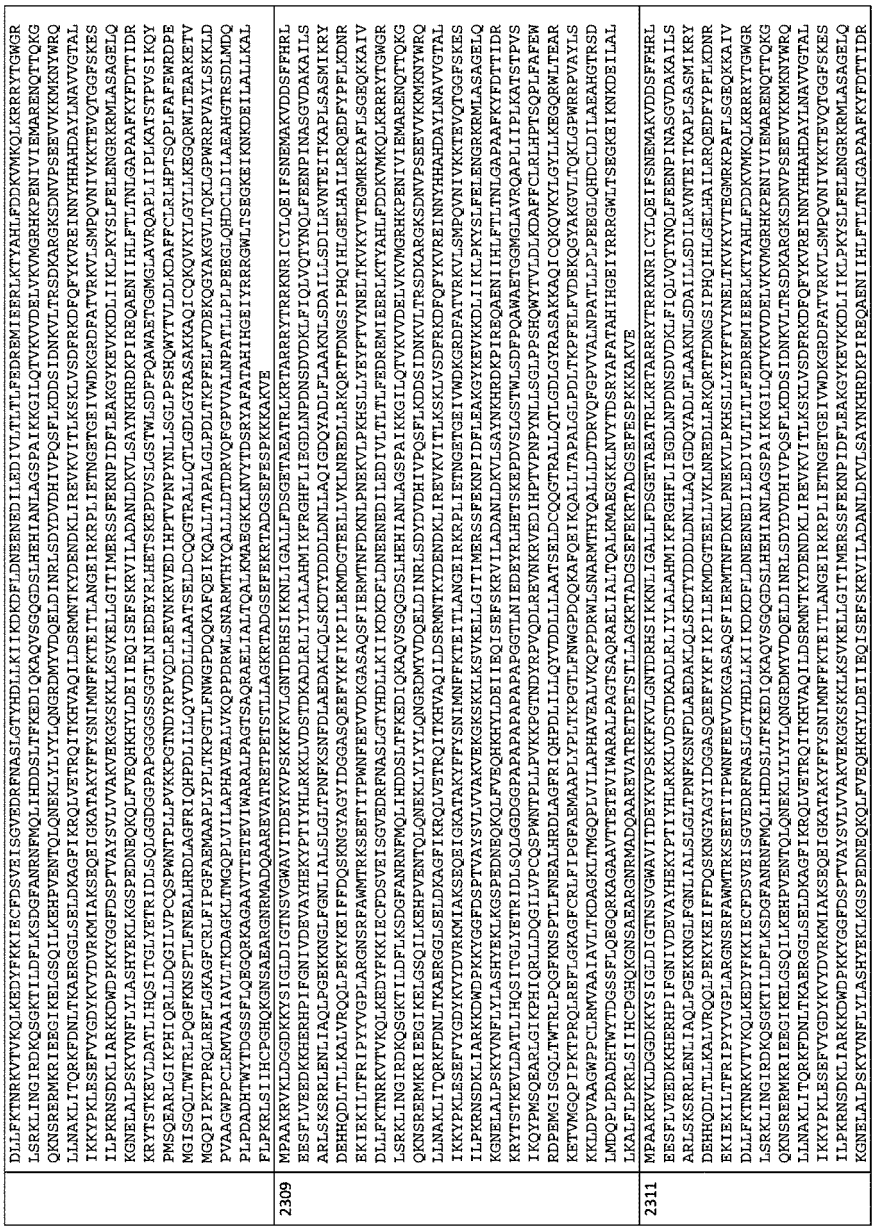
【０７０６】

【表Ａ１－１６４】

| | |
|---|---|
| | QHDCLDILAEAHGTRSDIMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2304 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWL |
| | LTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAH |
| | GTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2305 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | AILKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2308 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７０７】

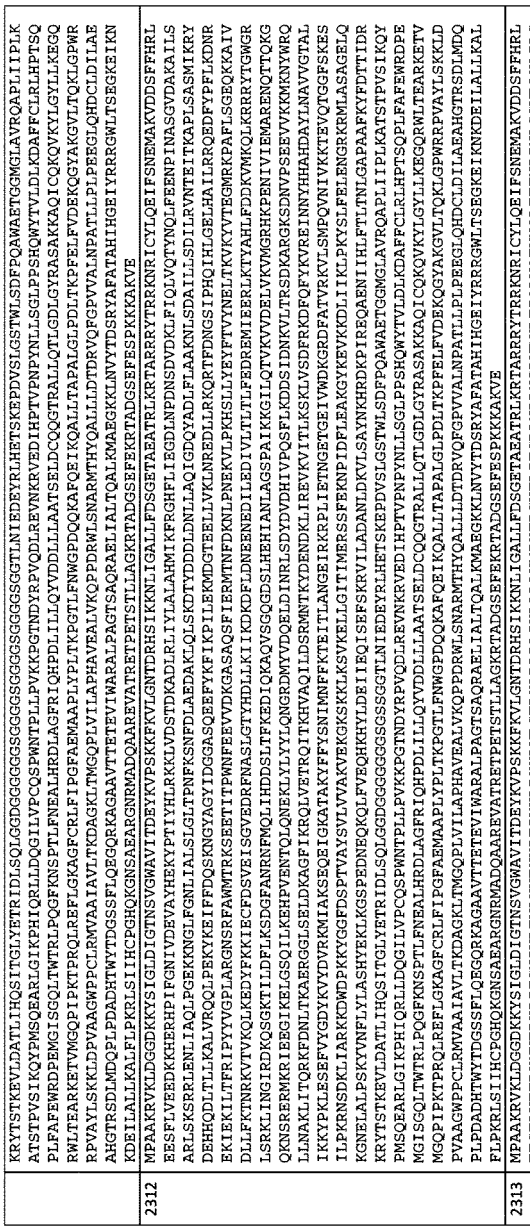
【表Ａ１－１６５】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKETADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2309 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPIPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSD |
| | LMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKETADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2311 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７０８】

【表Ａ１－１６６】



| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQVPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAE |
| | AHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2312 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2313 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | MDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７０９】

【表Ａ１－１６７】

| | |
|---|---|
| 2314 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2315 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKPAPGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARPAPGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| 2316 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

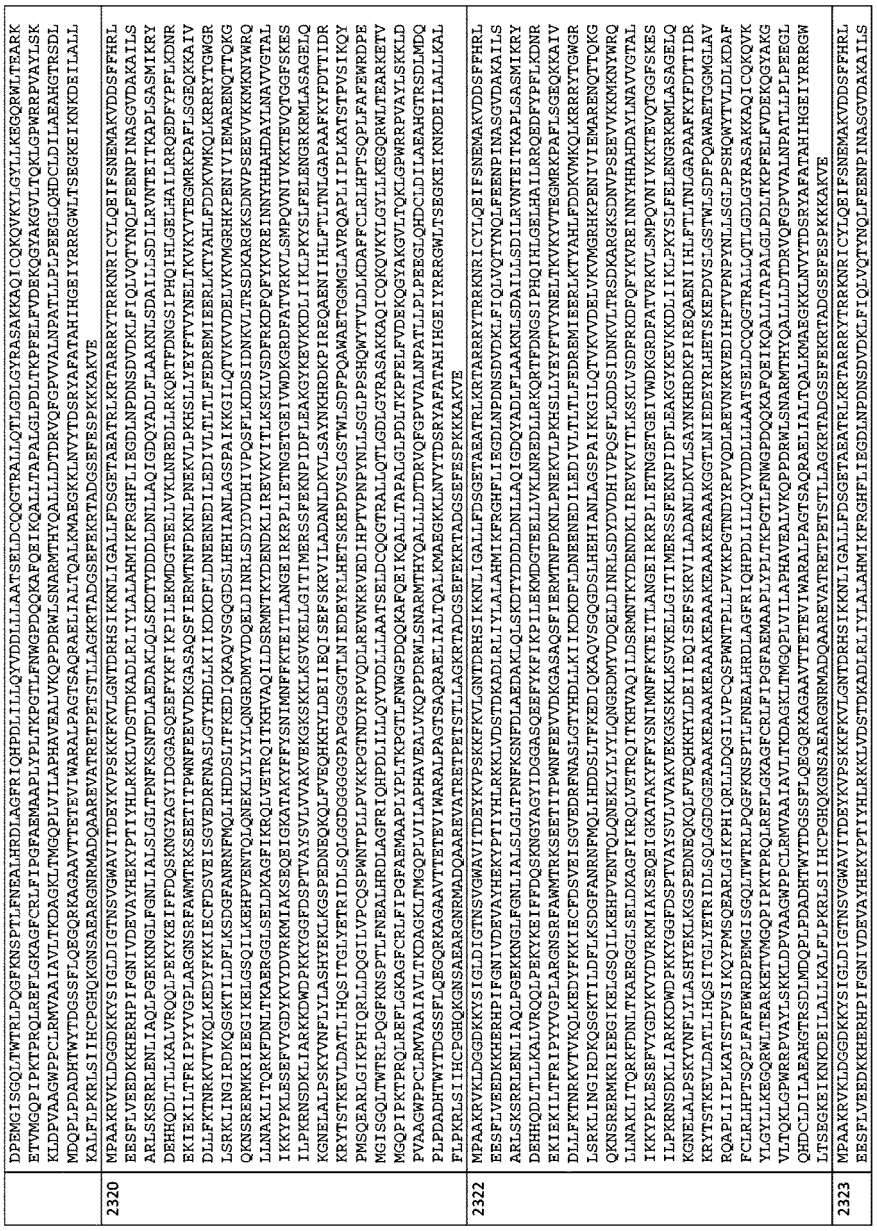
【０７１０】

【表Ａ１－１６８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSSGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2317 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSSGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLIKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAVLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2319 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGEAAAKGSSGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |

【０７１１】

【表Ａ１－１６９】



| | |
|---|---|
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDL |
| | MDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLL |
| | KALPLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2320 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2322 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPQGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2323 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

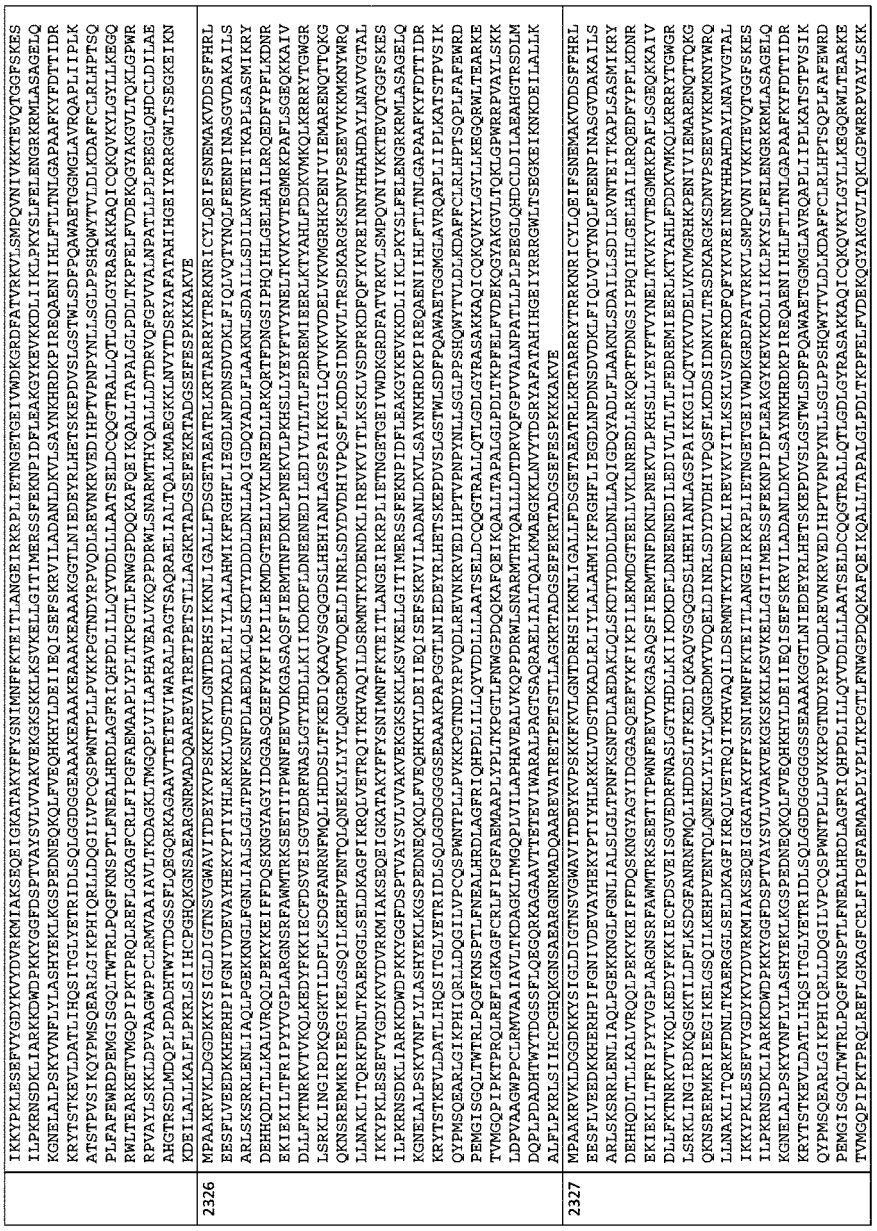
【０７１２】

【表Ａ１－１７０】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLQDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2324 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLQDILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2325 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７１３】

【表Ａ１－１７１】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAE |
| | AHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2326 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2327 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７１４】

【表Ａ１－１７２】

| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE VATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2328 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | IPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE VATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2329 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARE VATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2331 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７１５】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－１７３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2332 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2333 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７１６】

【表Ａ１－１７４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | SDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2335 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2338 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |

【０７１７】

【表Ａ１－１７５】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2342 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMG |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRVAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2343 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIILAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |
| 2345 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７１８】

【表Ａ１－１７６】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPPAAAKGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2346 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPPAAAKGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2347 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７１９】

【表Ａ１－１７７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2353 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2359 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |

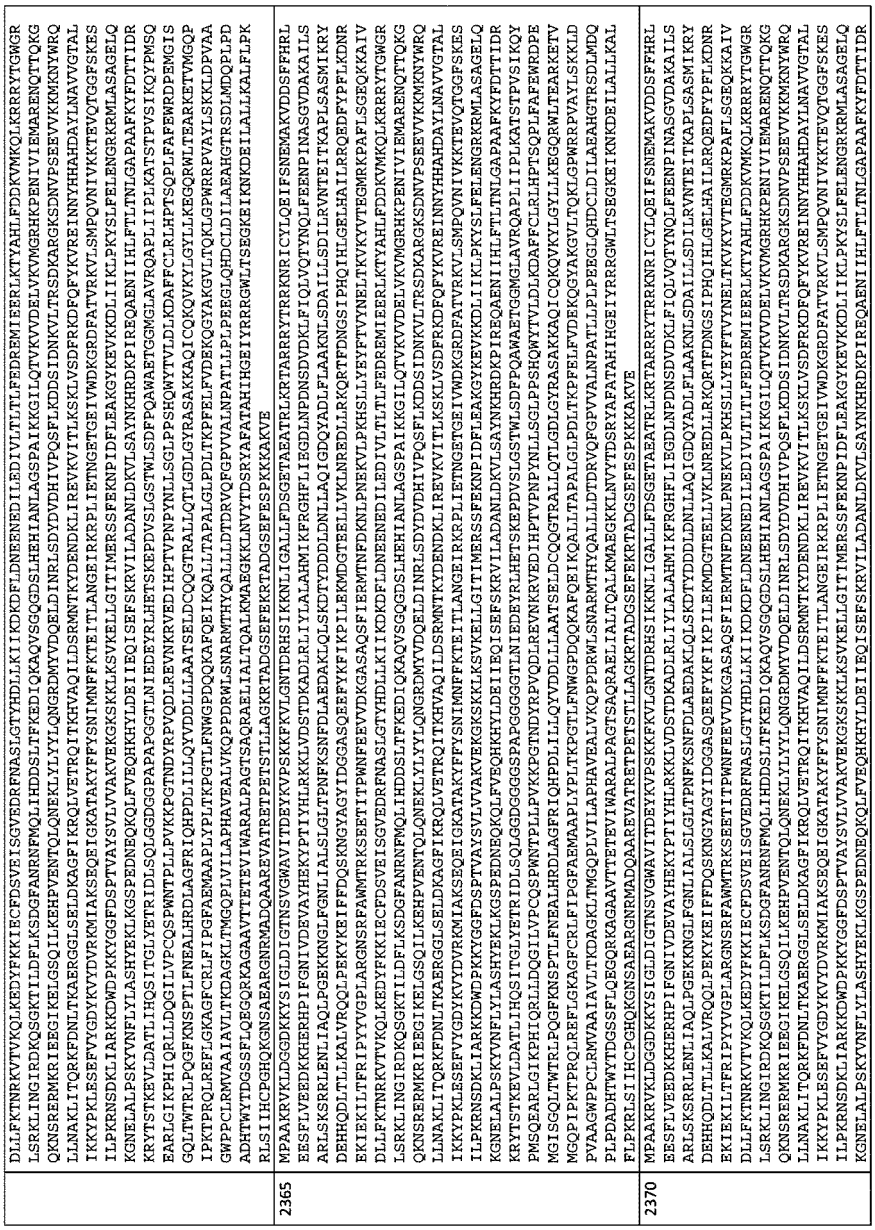
【０７２０】

【表Ａ１－１７８】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2360 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQPAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2363 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQPAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2364 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７２１】

【表Ａ１－１７９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNERDMYVYQLDLDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | IPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2365 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNERDMYVYQLDLDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2370 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNERDMYVYQLDLDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７２２】

【表Ａ１－１８０】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2371 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTIVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2382 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | GQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRSDLMDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７２３】

【表Ａ１－１８１】

| | |
|---|---|
| 2395 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPKGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2400 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEPAAAKGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM<br>DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2403 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７２４】

【表Ａ１－１８２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLIKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLMDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2405 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEW |

【０７２５】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－１８３】

| | |
|---|---|
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLRBFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDBKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2503 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2504 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2505 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７２６】

【表Ａ１－１８４】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2506 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2507 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

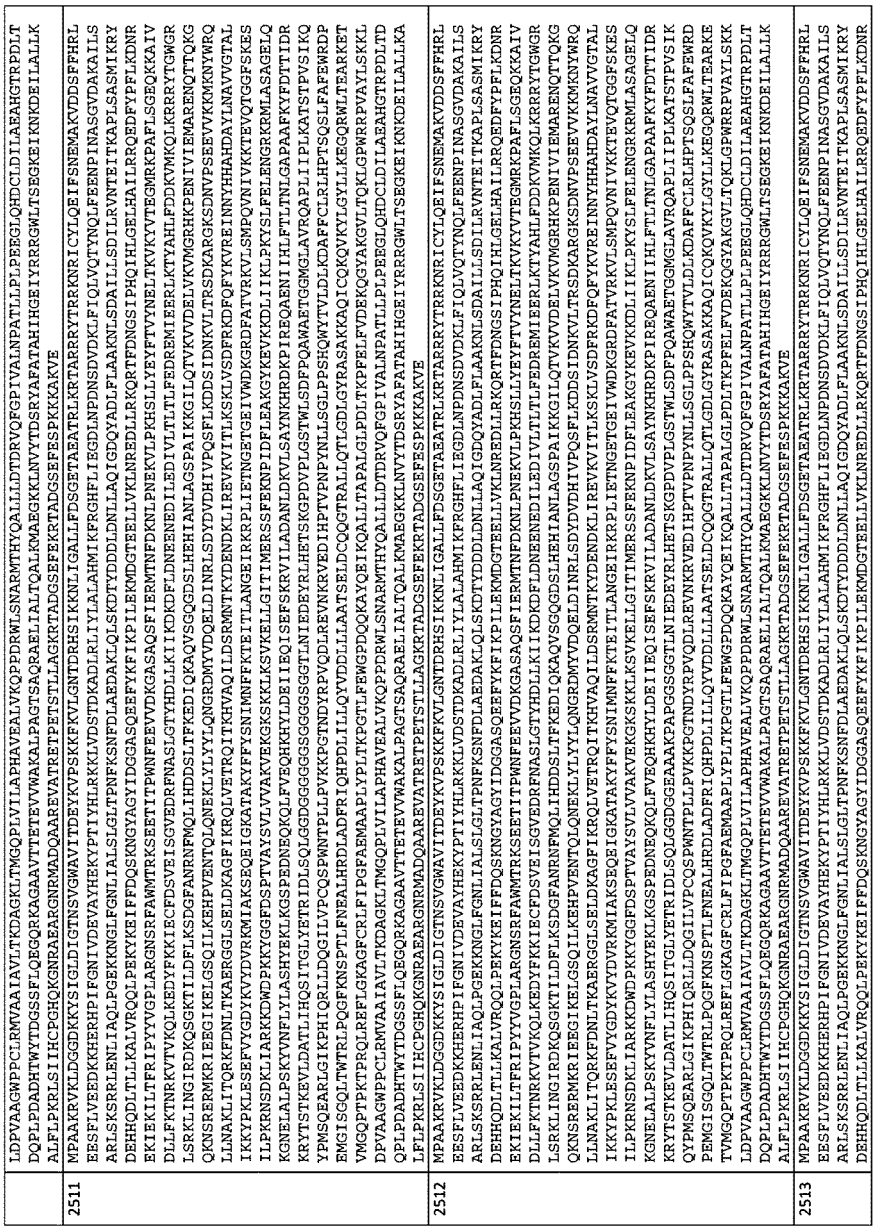
【０７２７】

【表Ａ１－１８５】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2508 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2510 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７２８】

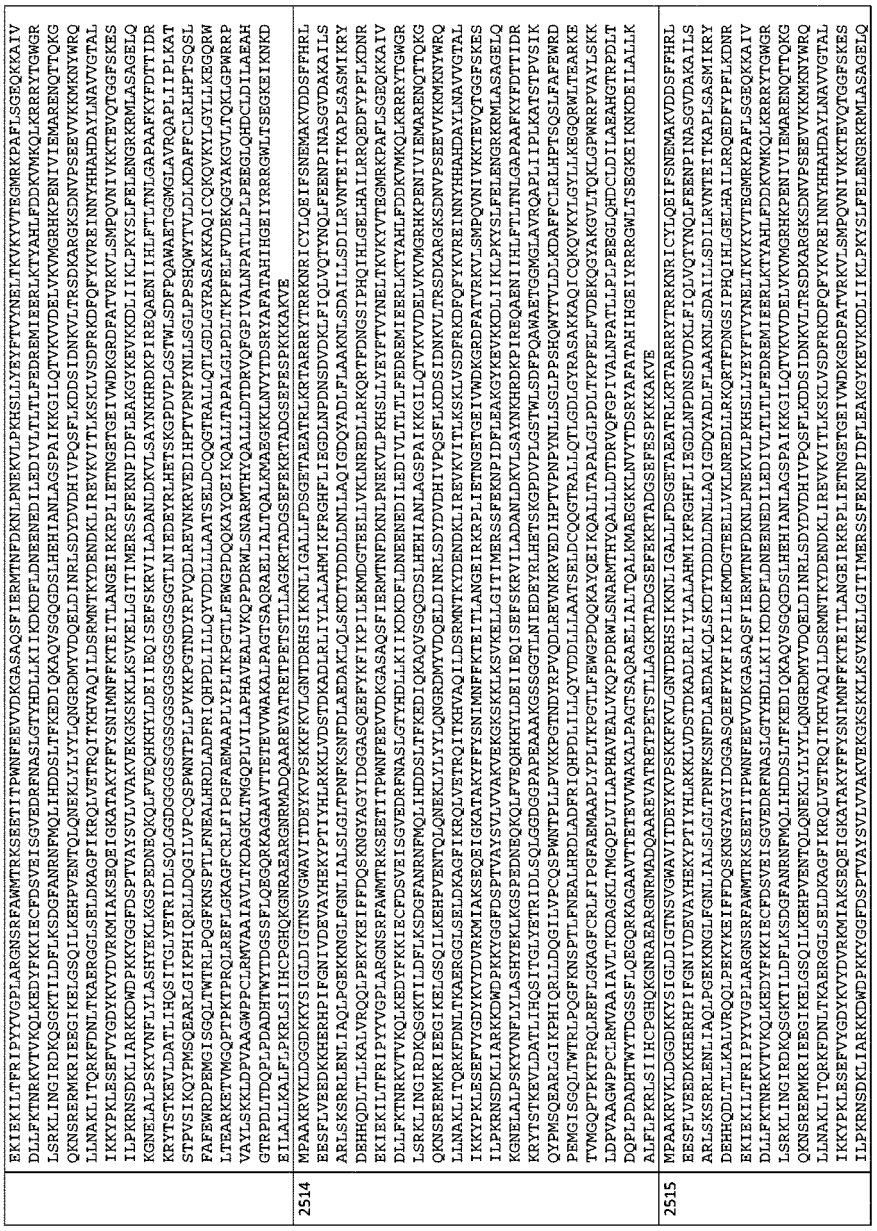
【表Ａ１－１８６】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2511 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEGEAAAKPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARAVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2512 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEGEAAAKPAPGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVTVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARAVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2513 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７２９】

【表Ａ１－１８７】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGSGGTGTNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAH |
| | GTRPDLITQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2514 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAKGSSGGTINIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLIT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2515 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７３０】

【表Ａ１－１８８】

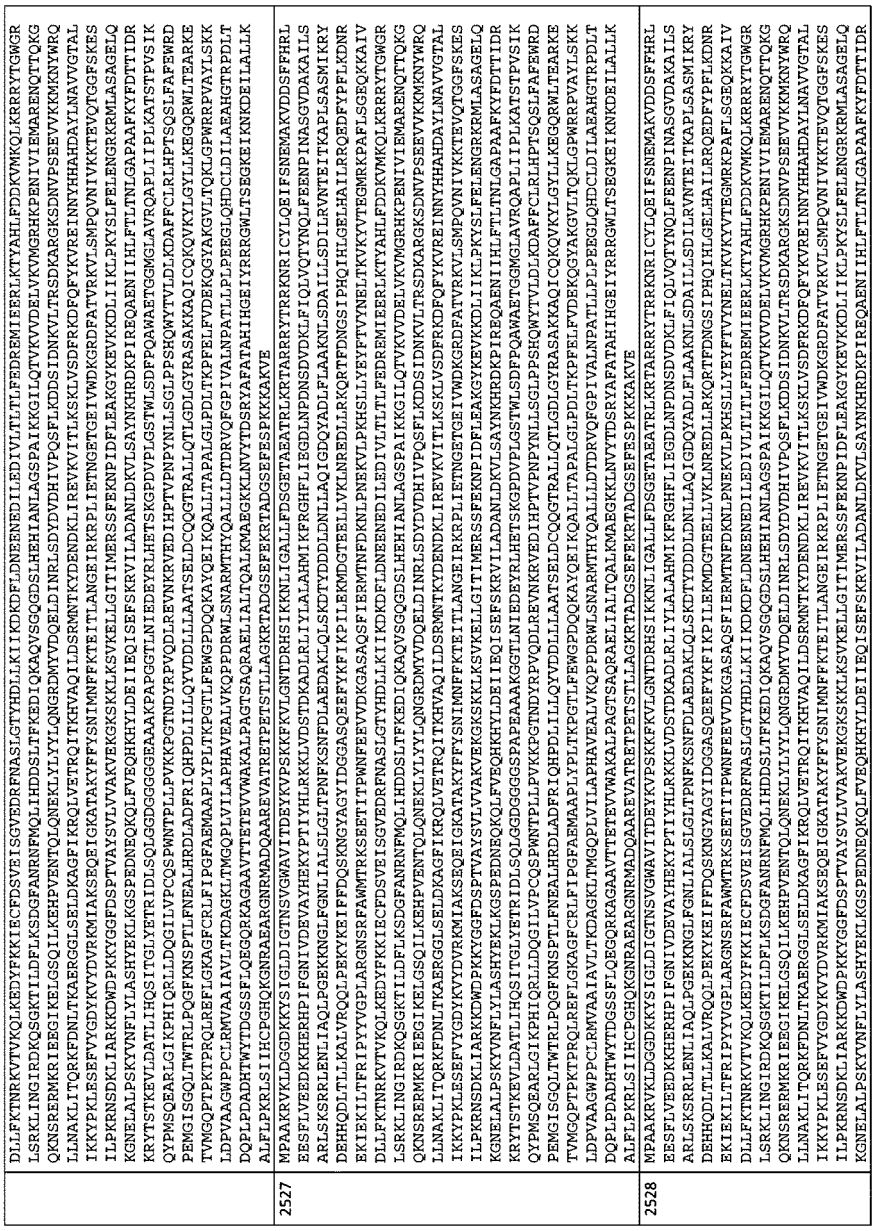
| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2518 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSBSATPESGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST |
| | PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFA |
| | FEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT |
| | EARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGT |
| | RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI |
| | LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2519 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSBSATPESGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST |
| | PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFA |
| | FEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT |
| | EARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGT |
| | RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI |
| | LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
|

【表Ａ１－１８９】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2521 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPE |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2525 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2526 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７３２】

【表Ａ１－１９０】



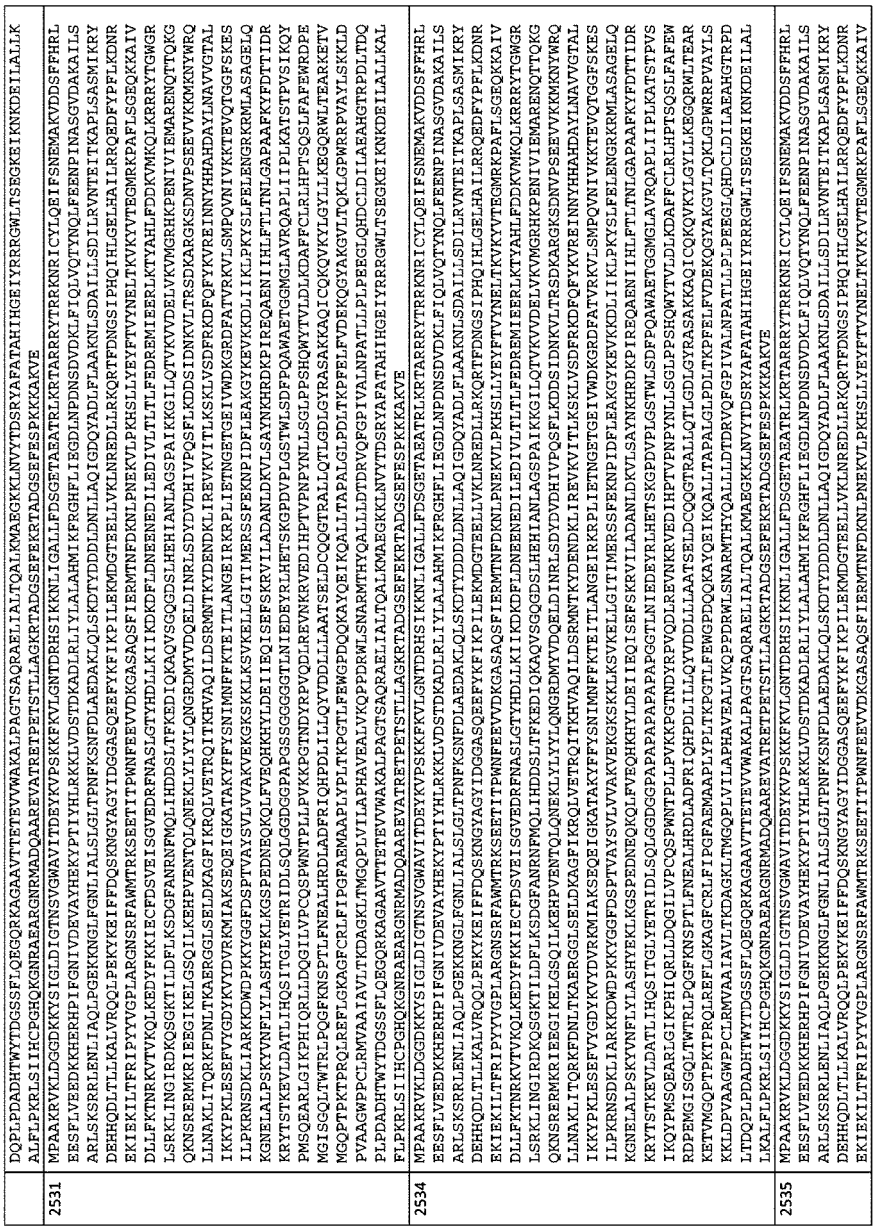
【０７３３】

【表Ａ１－１９１】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2529 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPI |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETSVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |
| 2530 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |

【０７３４】

【表Ａ１－１９２】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2531 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWR |
| | DFPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2535 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７３５】

【表Ａ１－１９３】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2536 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2539 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

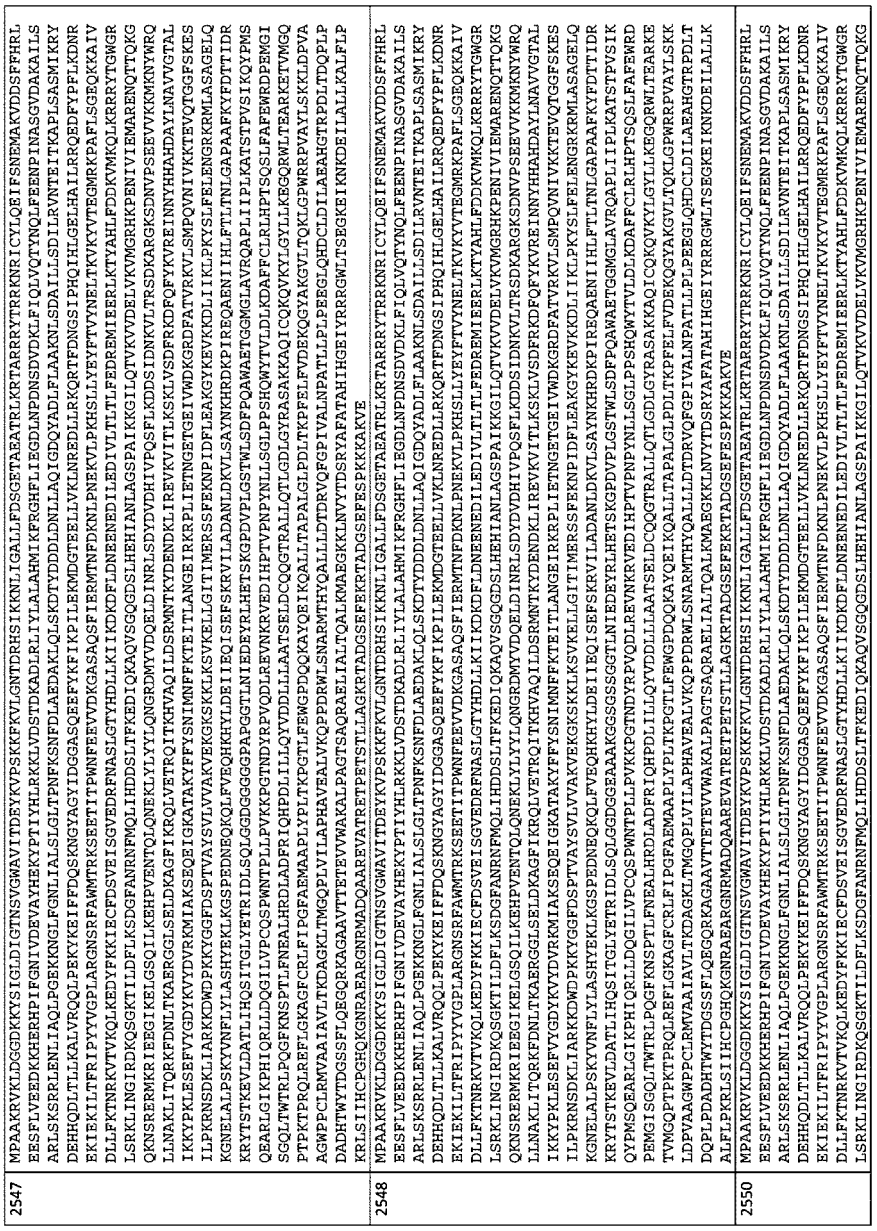
【０７３６】

【表Ａ１－１９４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2542 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７３７】

【表Ａ１－１９５】



| | |
|---|---|
| 2547 | MPAAKRVKLDGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | KRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2548 | MPAAKRVKLDGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2550 | MPAAKRVKLDGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７３８】

【表Ａ１－１９６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGGGGTINIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2551 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |

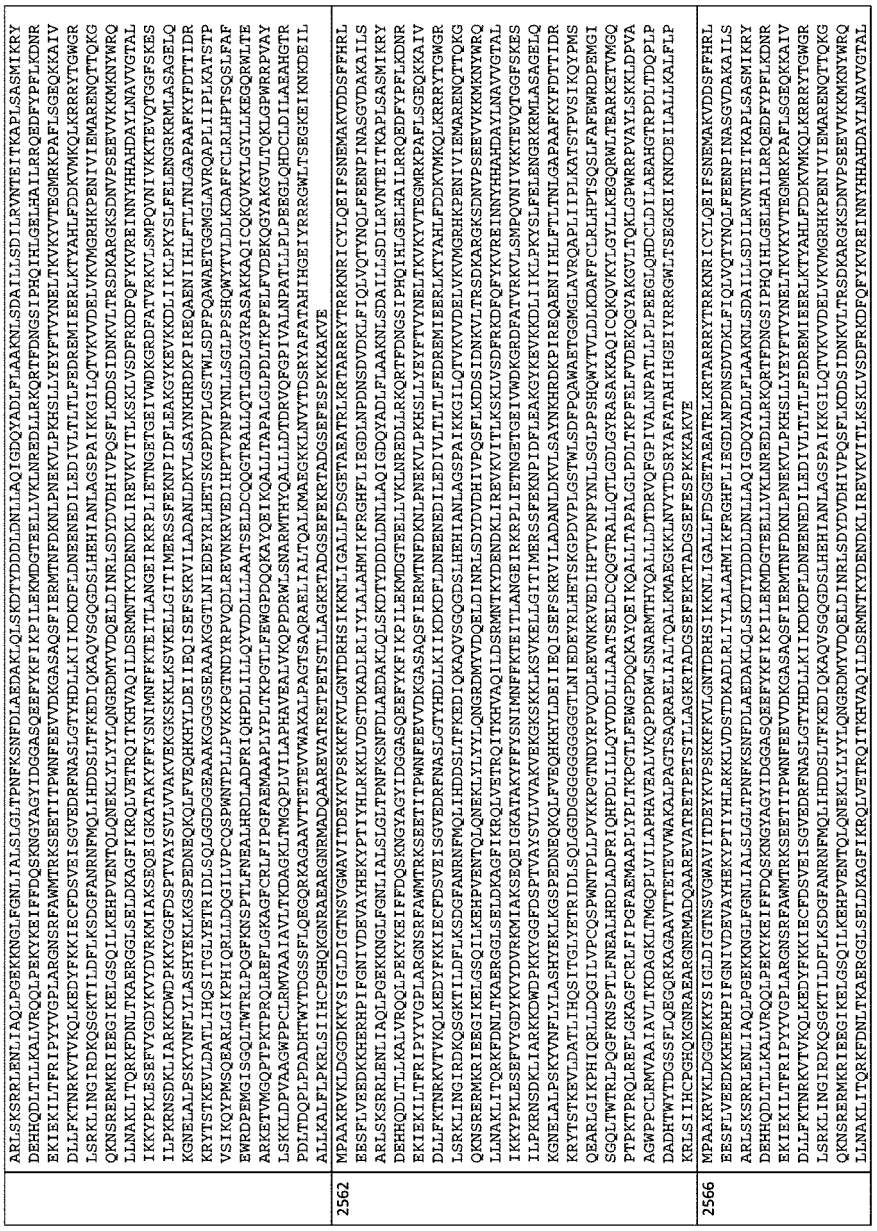
【０７３９】

【表Ａ１－１９７】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2556 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRTYSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2561 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７４０】

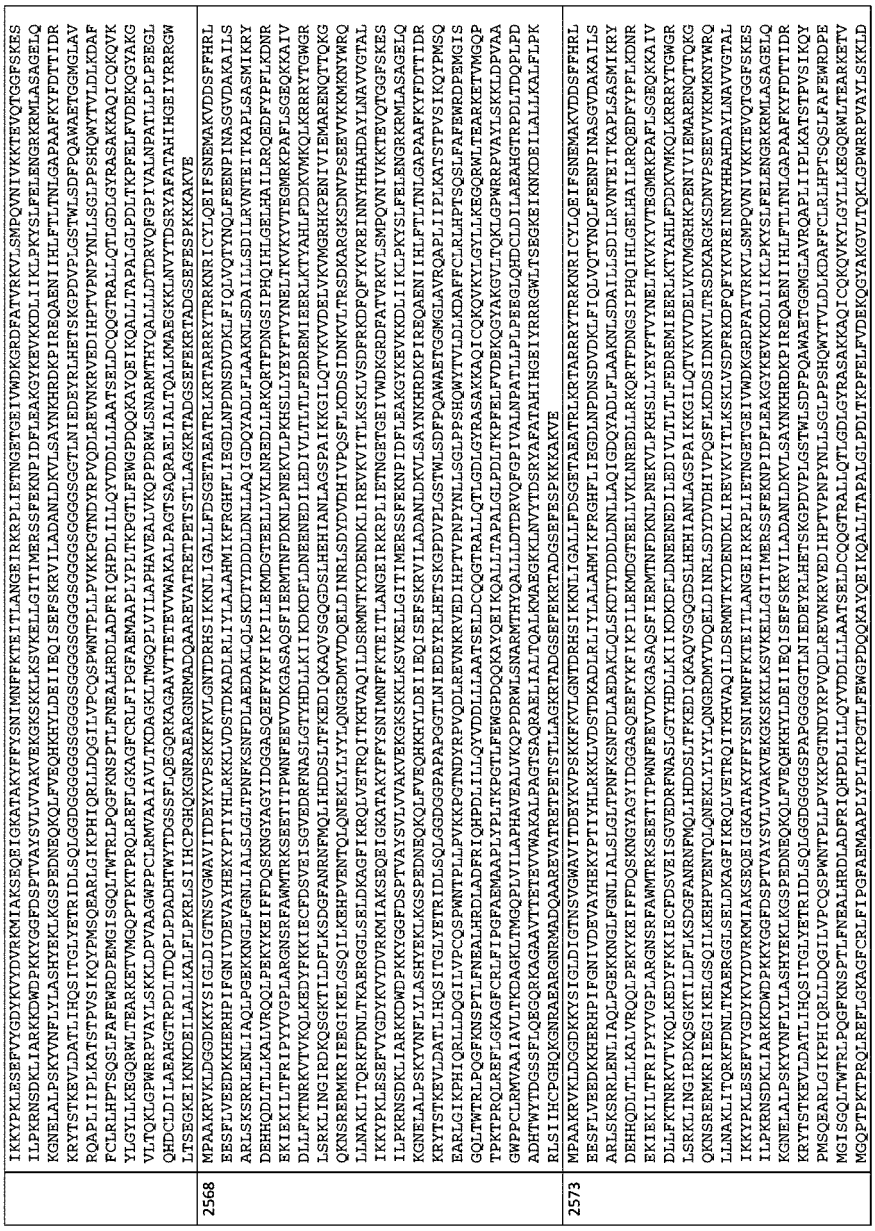
【表Ａ１－１９８】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSGEAAAKGGGSGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQPARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAATAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2562 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSGEAAAKGGGSGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARGVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2566 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７４１】

【表Ａ１－１９９】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQRARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNPAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKGRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2568 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKGRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2573 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKGRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKGRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０７４２】

【表Ａ１－２００】

| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARSVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2578 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGAGSGBFGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWR |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGAGSGBFGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ

【表Ａ１－２０１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2592 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDIIAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2599 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７４４】

【表Ａ１－２０２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPIVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFEPSPKKAKVE |
| 2610 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFEPSPKKAKVE |
| 2611 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFEPSPKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFEPSPKKAKVE |

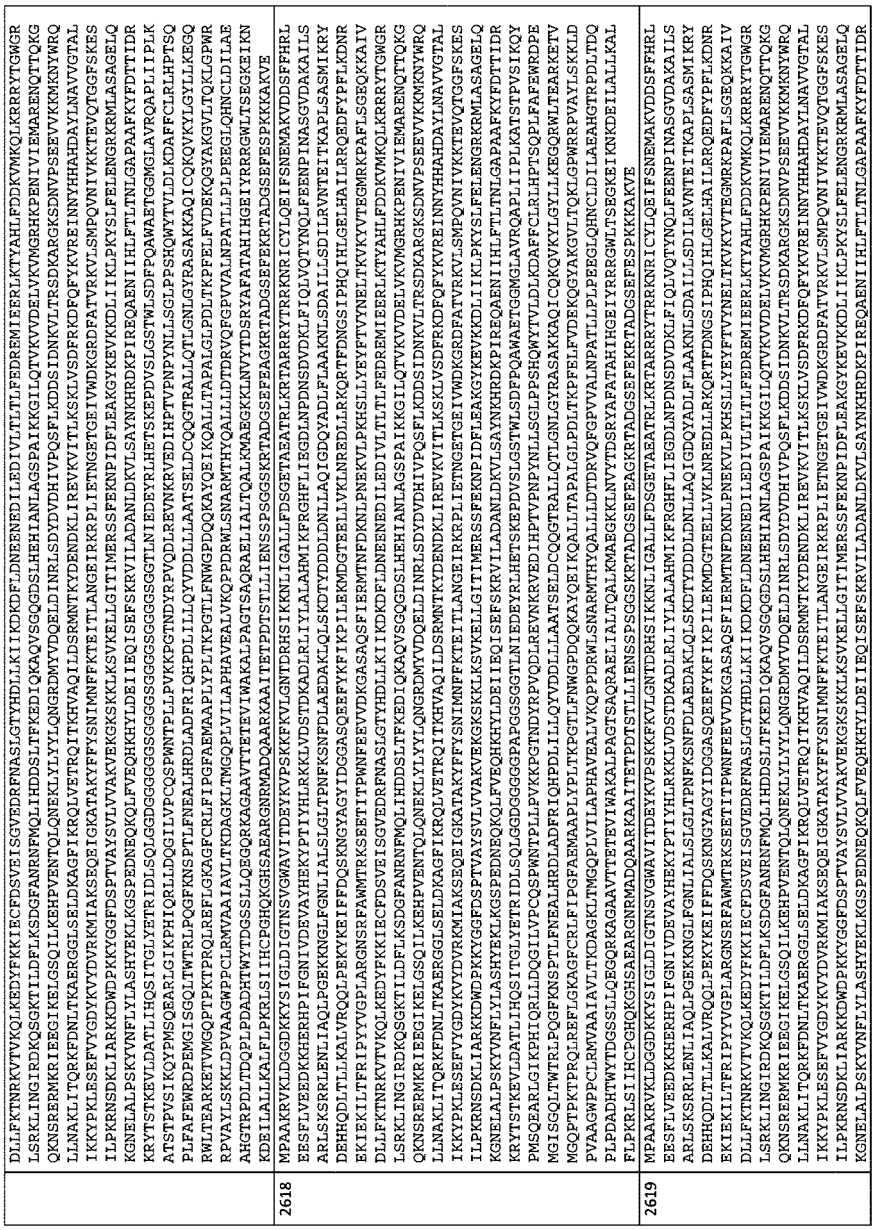
【０７４５】

【表Ａ１－２０３】

| | |
|---|---|
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSPGGSKRTADGSEFEAGKRTADG |
| | SEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2612 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT<br>STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD<br>EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSPGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2614 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSPGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2615 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７４６】

【表Ａ１－２０４】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2618 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2619 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７４７】

【表Ａ１－２０５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2620 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７４８】

【表Ａ１－２０６】

| | |
|---|---|
| 2622 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQQARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEPKKKAKVE | 2623 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTFKTPRQLREFLGKAGFCRLIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEPKRTADGSSEFESPKKKAKVE |
| | | 2624 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７４９】

【表Ａ１－２０７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2624 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2627 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |

【０７５０】

10

20

30

40

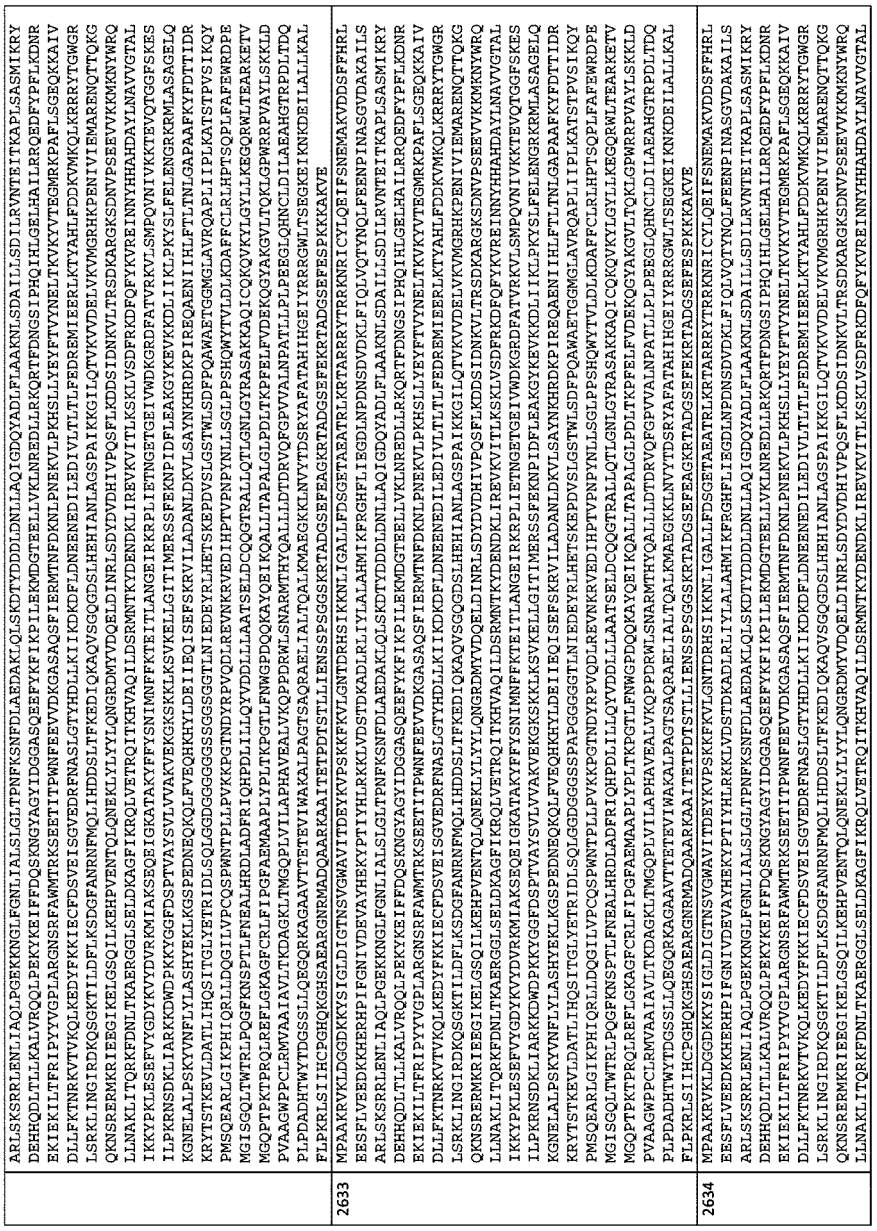
50

【表Ａ１－２０８】

| | |
|---|---|
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2629 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQVPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISQG |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2632 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７５１】

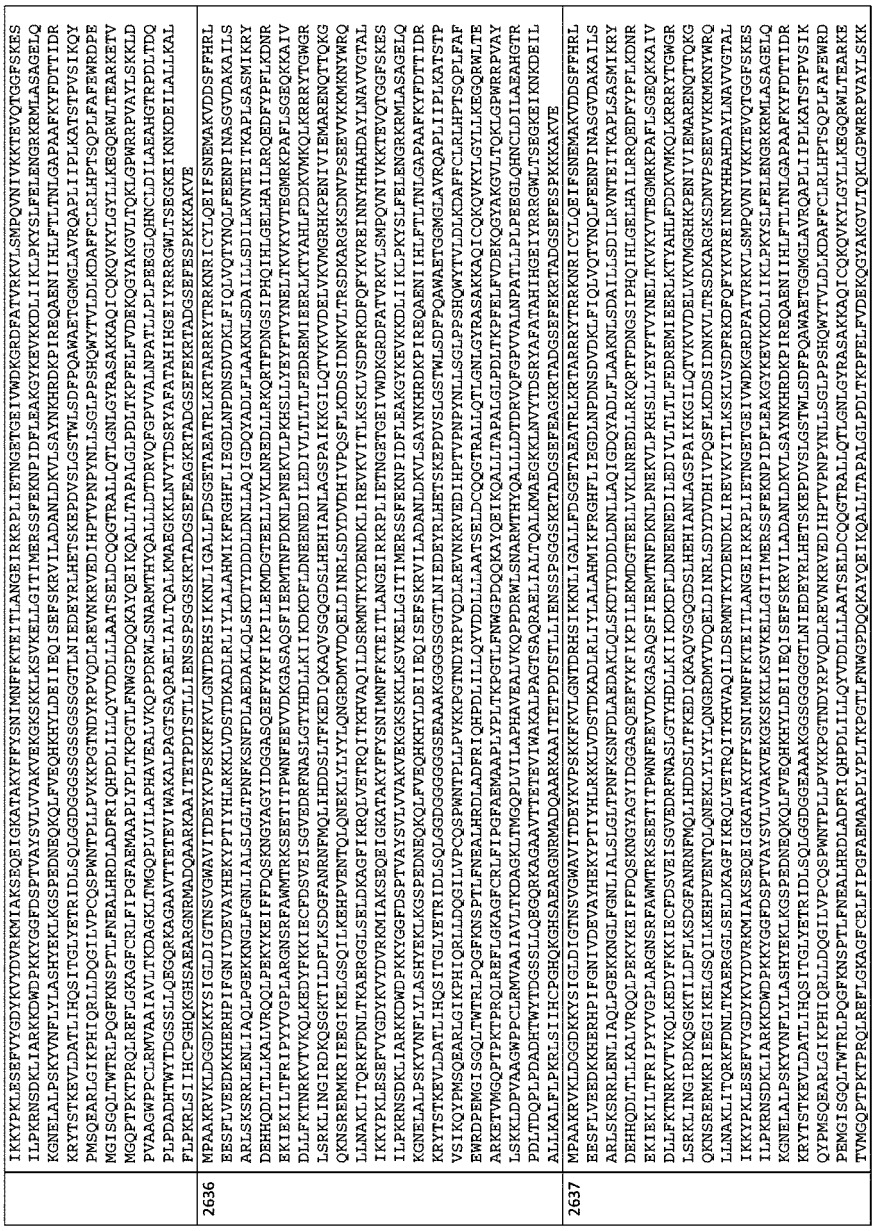
【表Ａ１－２０９】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGSTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLITPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2633 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGSTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLITPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2634 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLLAQIGDQVADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７５２】

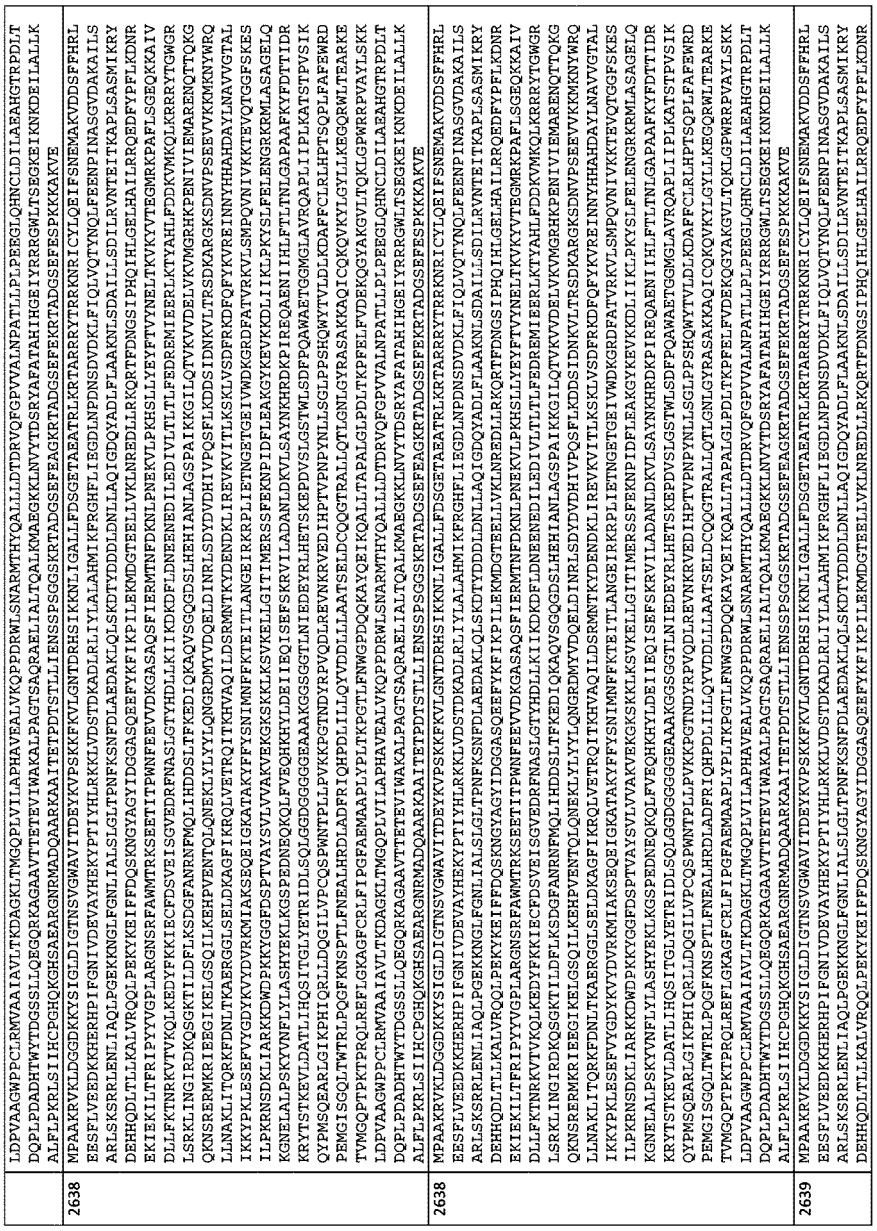
【表Ａ１－２１０】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVDLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2636 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVDLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILA |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2637 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVDLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７５３】

【表Ａ１－２１１】



【０７５４】

【表Ａ１－２１２】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2639 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2641 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７５５】

【表Ａ１－２１３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICCQKVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2644 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESP |
| | KKKAKVE |
| 2647 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |

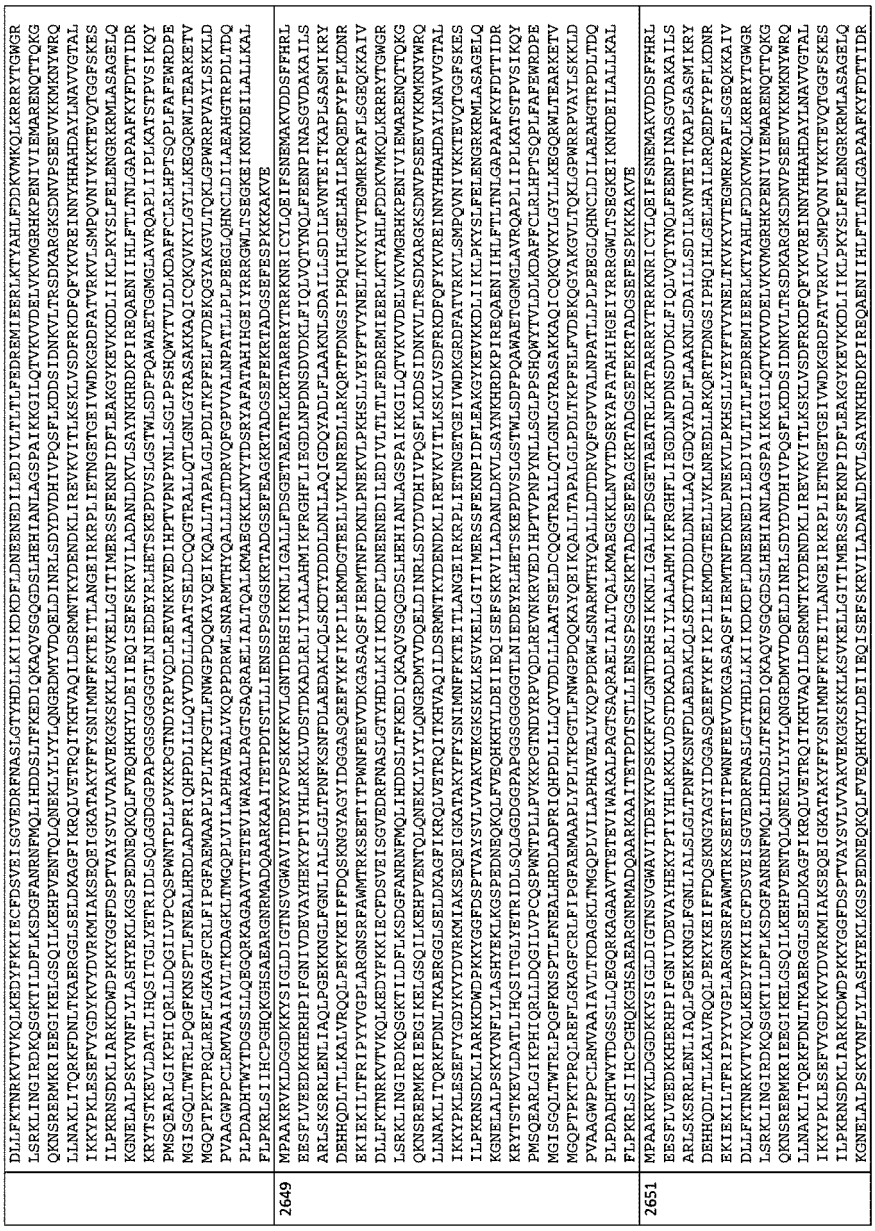
【０７５６】

【表Ａ１－２１４】

| | |
|---|---|
| | QPLPDADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVTWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2647 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLRSFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVTWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2648 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2649 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７５７】

【表Ａ１－２１５】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2649 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2651 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７５８】

【表Ａ１－２１６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSPAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2653 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2654 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７５９】

【表Ａ１－２１７】

| | |
|---|---|
| 2655 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA<br>RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ<br>LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP<br>KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2656 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2657 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７６０】

【表Ａ１－２１８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2660 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2663 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKEPPVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST |
| | PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFA |

【０７６１】

【表Ａ１－２１９】

| | |
|---|---|
| | FEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT |
| | EARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA |
| | YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGT |
| | RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI |
| | LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2665 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2666 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSSGSGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2667 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７６２】

【表Ａ１－２２０】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2669 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2675 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

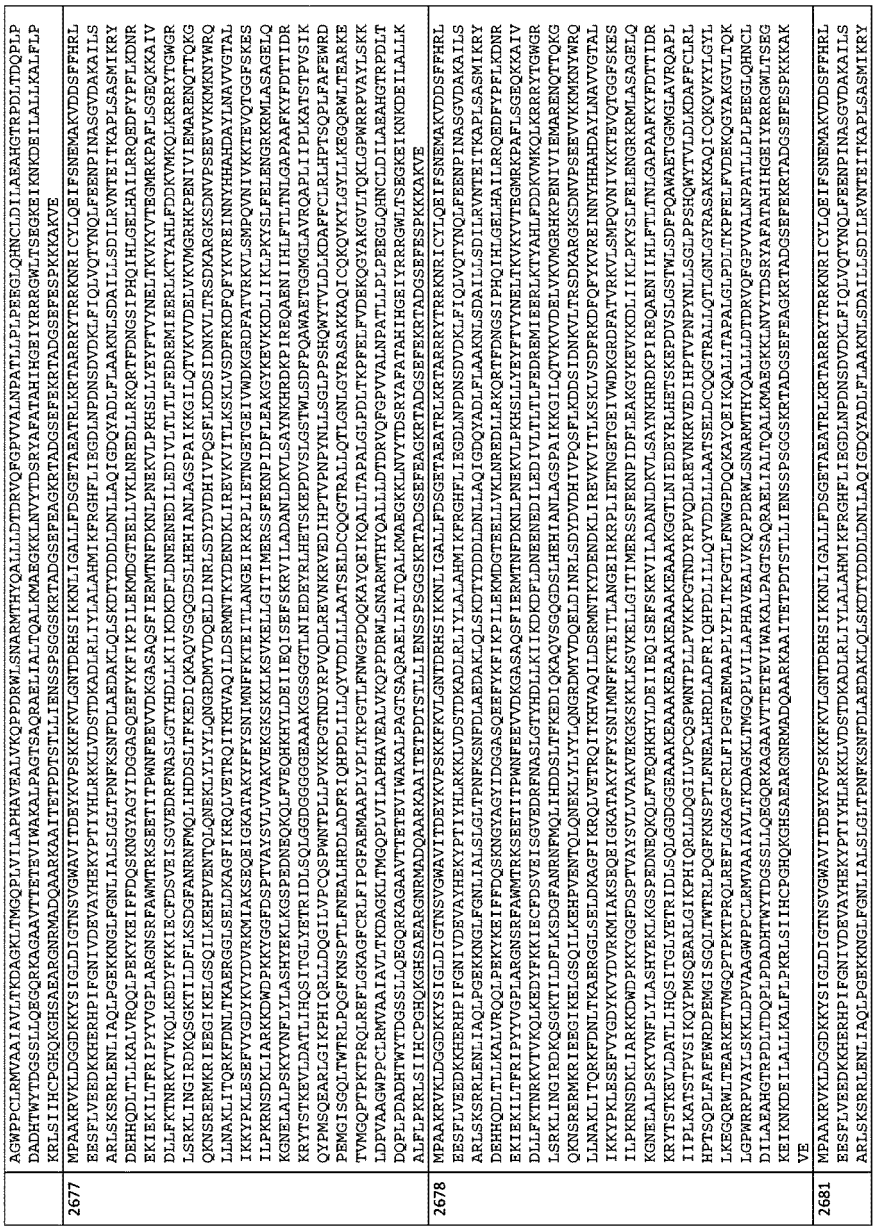
【０７６３】

【表Ａ１－２２１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2676 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2676 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |

【０７６４】

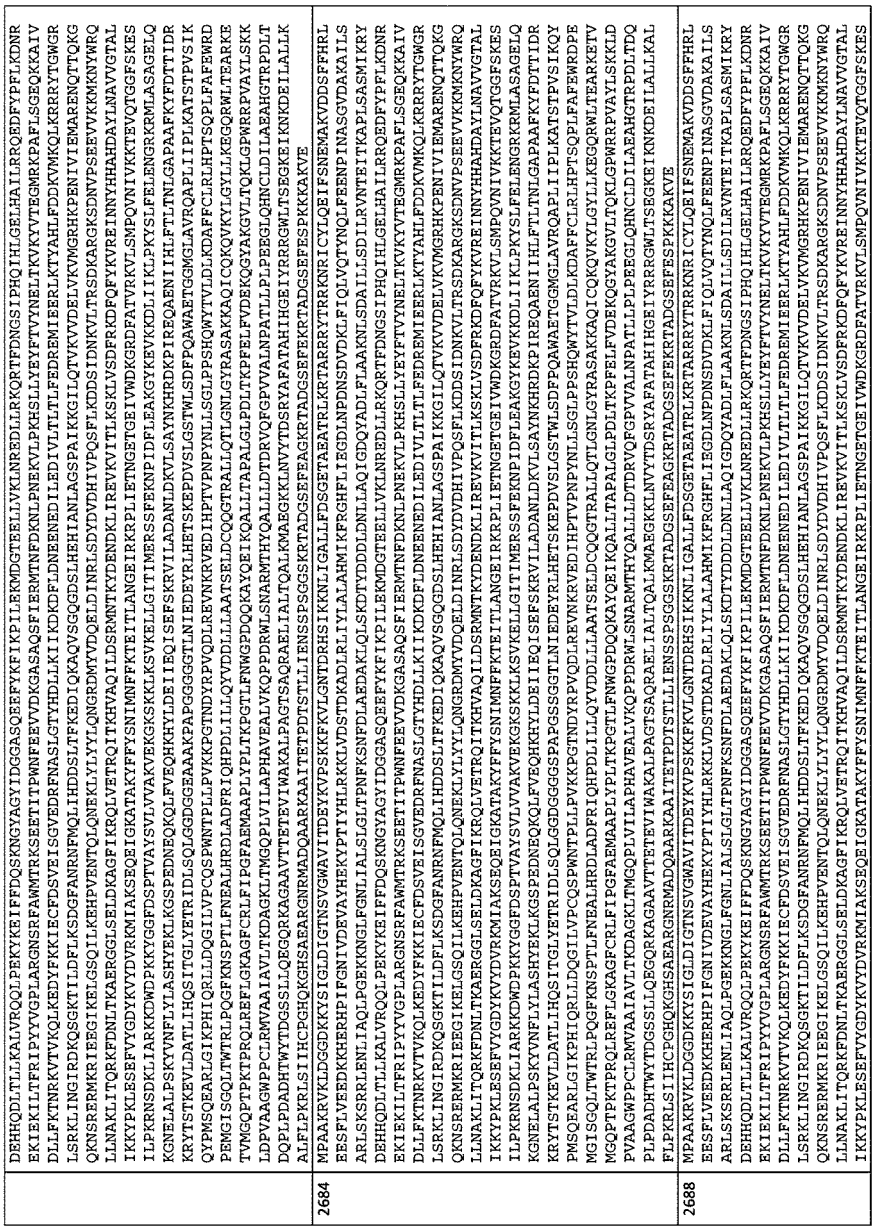
【表Ａ１－２２２】



| | |
|---|---|
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2677 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2678 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEIILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAK |
| | VE |
| 2681 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |

【０７６５】

【表Ａ１－２２３】



| | |
|---|---|
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVPKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 2684 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVPKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 2688 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |

【０７６６】

【表Ａ１－２２４】

| | |
|---|---|
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2692 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESPLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2696 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESPLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESPLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |

【０７６７】

【表Ａ１－２２５】

| | |
|---|---|
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQPEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2700 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLRRFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQPEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2701 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQPEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2711 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７６８】

【表Ａ１－２２６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFAMRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS<br>DFPQAWAETGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL<br>PPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG<br>YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT<br>KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV<br>VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA<br>FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2712 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2712 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７６９】

【表Ａ１－２２７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGSEAAAKGGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2713 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2713 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGSEAAAKGGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

【０７７０】

10

20

30

40

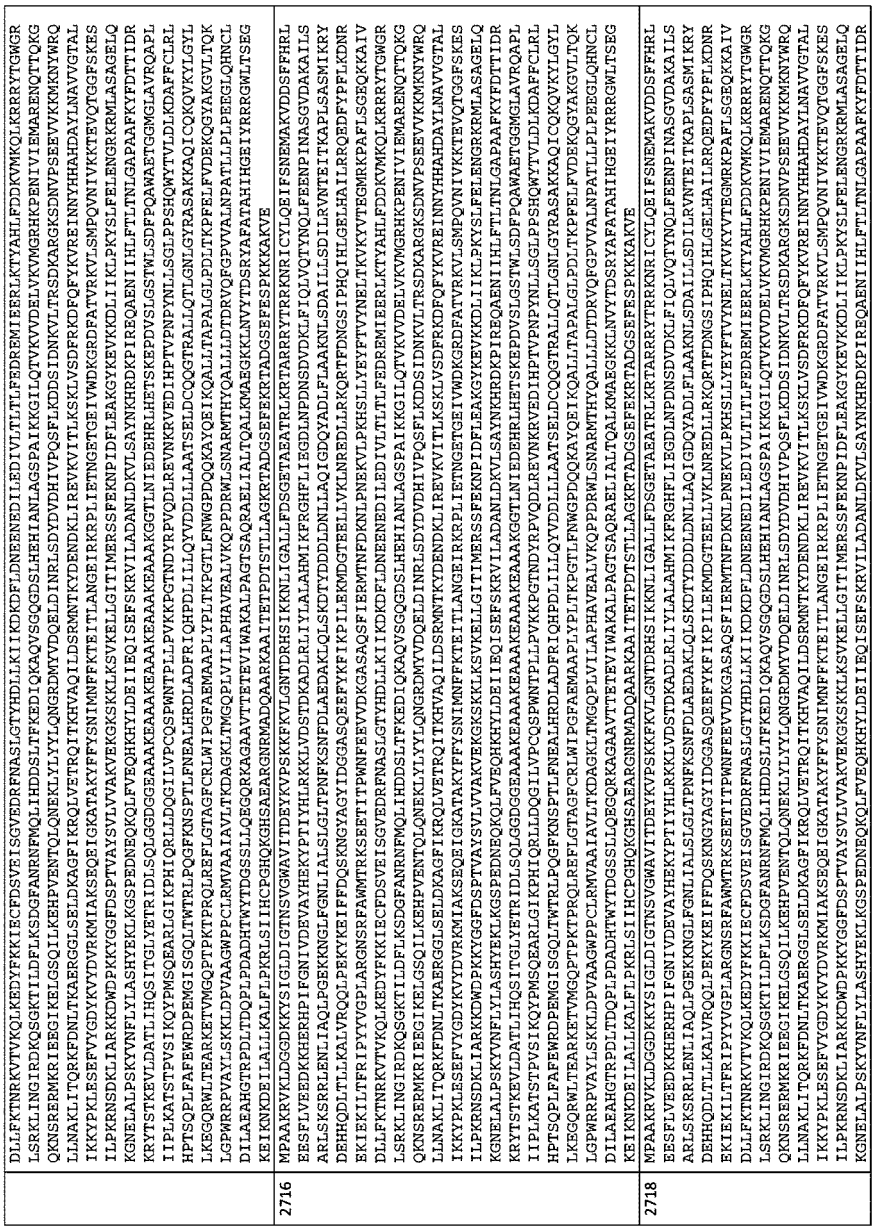
50

【表Ａ１－２２８】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2714 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2715 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2716 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLKALVRQQLPEKVKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７７１】

【表Ａ１－２２９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKBPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWTVDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEIILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2716 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWTVDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEIILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2718 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７７２】

【表Ａ１－２３０】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2719 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2721 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

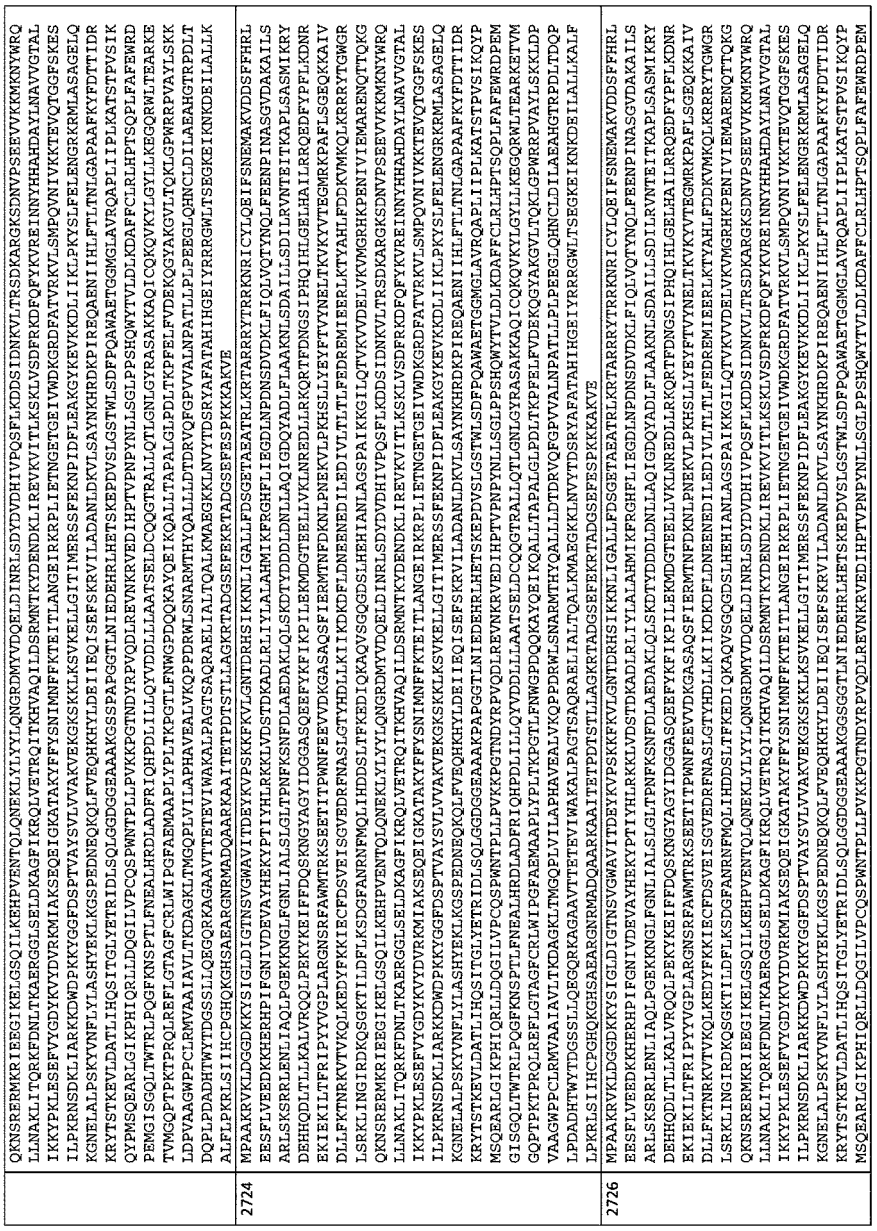
【０７７３】

【表Ａ１－２３１】

| | |
|---|---|
| 2722 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2723 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７７４】

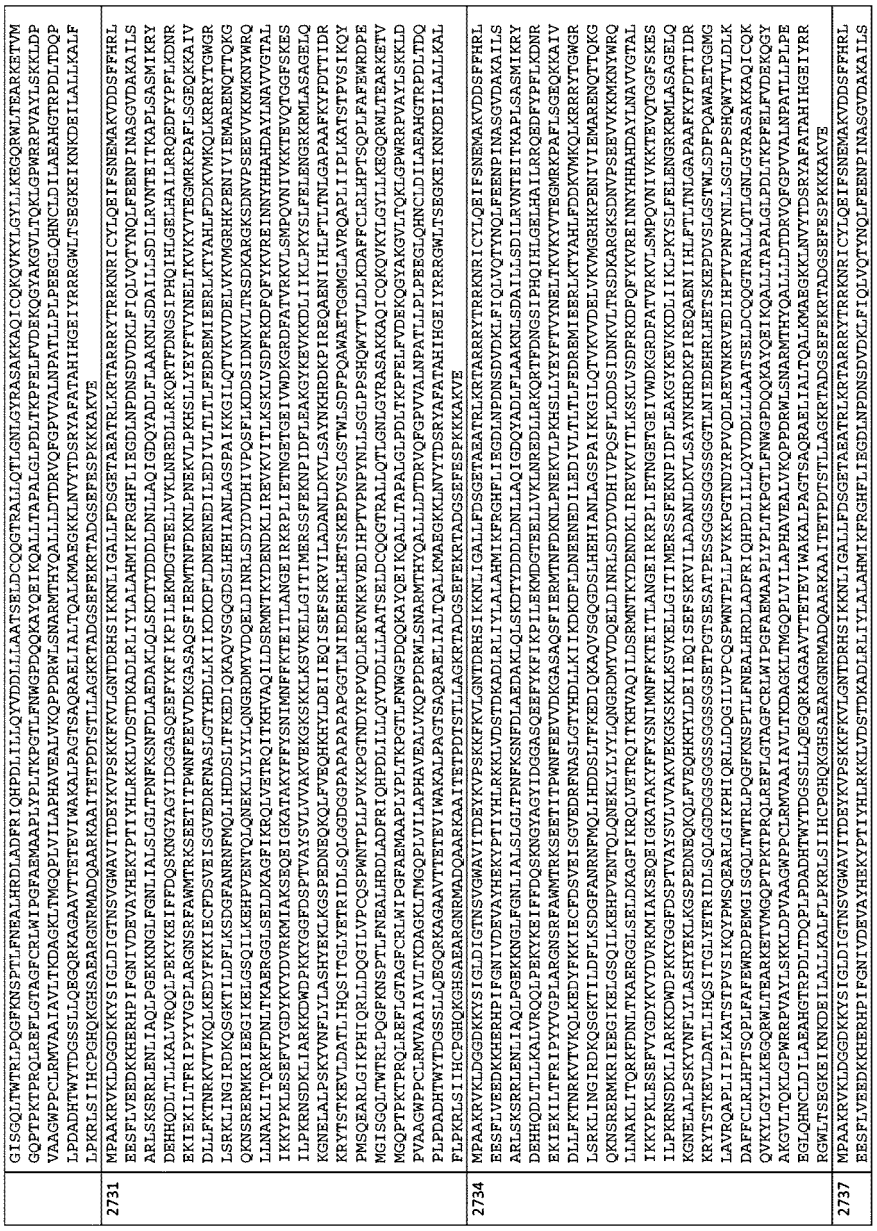
【表Ａ１－２３２】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2724 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM<br>GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP<br>LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF<br>LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2726 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |

【０７７５】

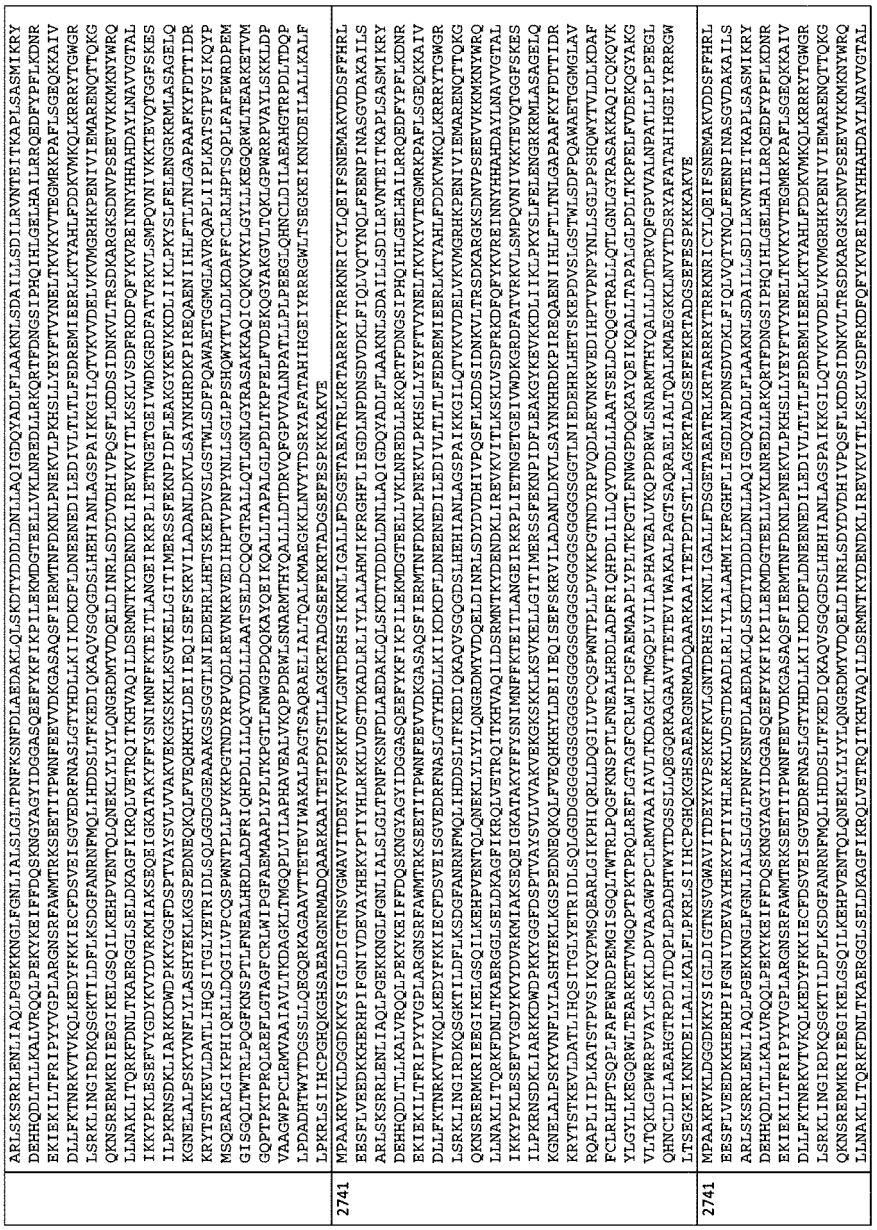
【表Ａ１－２３３】



| | |
|---|---|
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2731 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSPAPAPAPQGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMG |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2734 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSPAPAPAPQGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMG |
| | LAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLK |
| | DAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQK |
| | QVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGY |
| | AKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPE |
| | EGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRR |
| | RGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2737 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７７６】

【表Ａ１－２３４】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2741 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2741 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

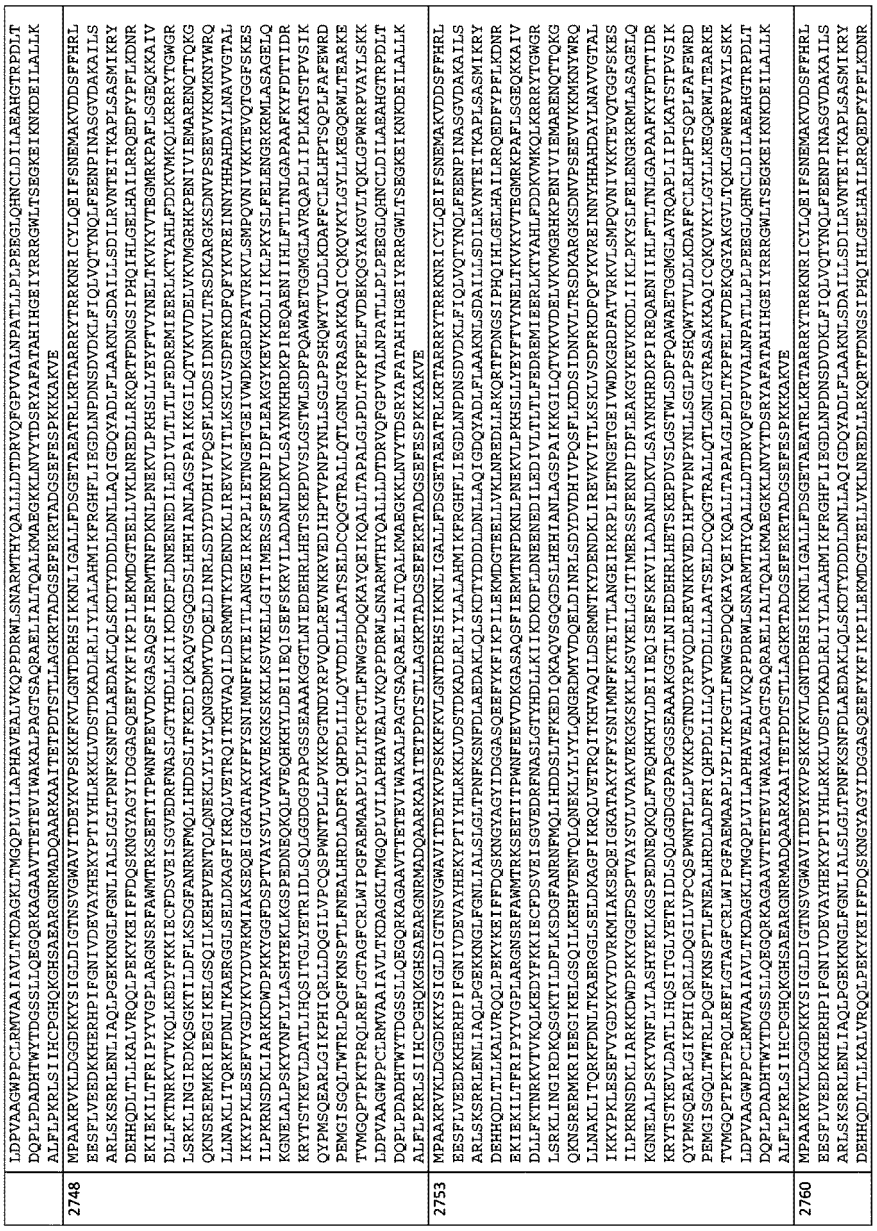
【０７７７】

【表Ａ１－２３５】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFEKRTADGSEFEPKKKAKVE |
| 2744 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFEPKKKAKVE |
| 2745 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０７７８】

【表Ａ１－２３６】



【０７７９】

【表Ａ１－２３７】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSEAAKGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2764 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGSEAAKGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2771 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７８０】

【表Ａ１－２３８】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 2772 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 2776 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

【０７８１】

【表Ａ１－２３９】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2780 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2780 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2781 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７８２】

【表Ａ１－２４０】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2782 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2782 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７８３】

【表Ａ１－２４１】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2783 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2784 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |

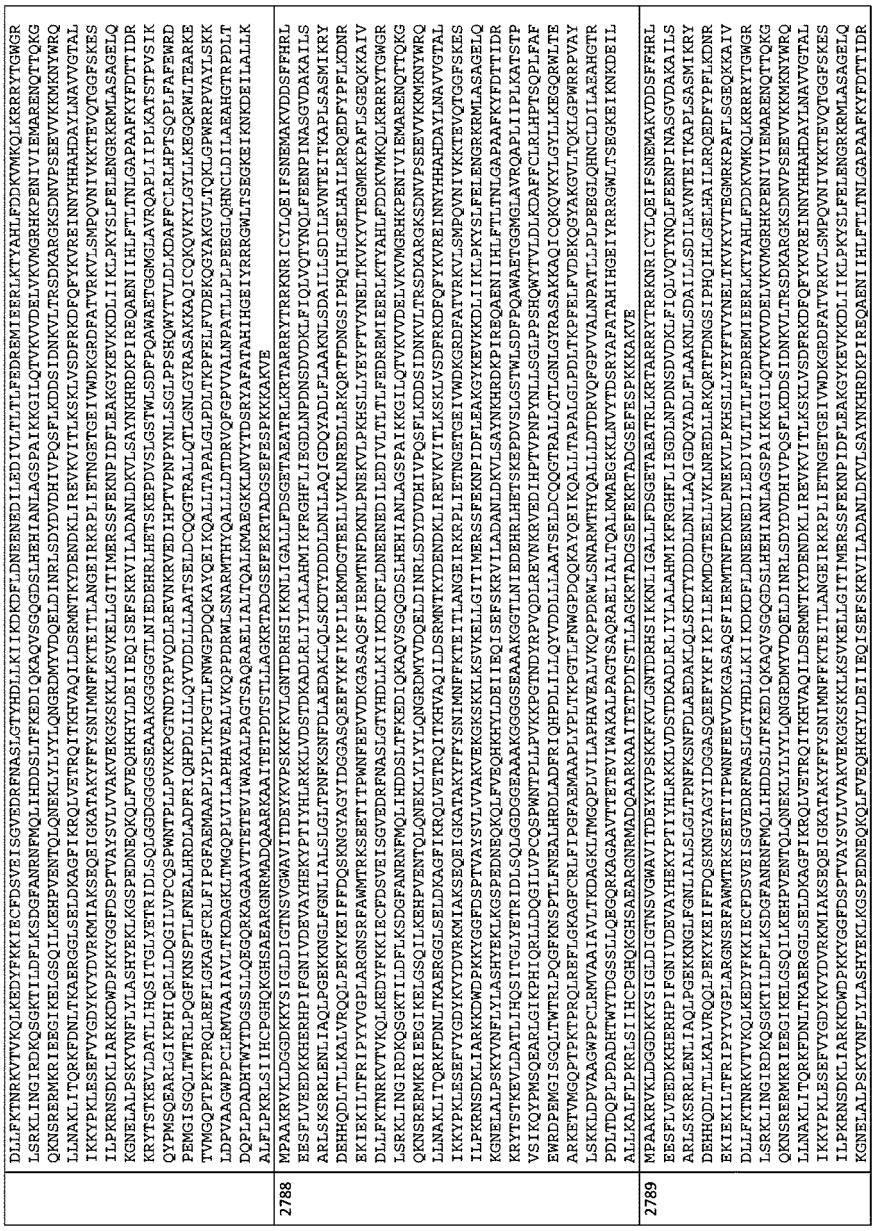
【０７８４】

【表Ａ１－２４２】

| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
|---|---|
| 2786 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKVPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQFLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2787 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKVPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAAAKGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQFLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>IKKVPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSPAAAKGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQFLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７８５】

【表Ａ１－２４３】



【０７８６】

【表Ａ１－２４４】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKPPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2790 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKPPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPM |
| | SQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMG |
| | ISQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG |
| | QPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL |
| | PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFL |
| | PKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2791 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKPPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPM |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７８７】

【表Ａ１－２４５】

| | |
|---|---|
| 2792 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2793 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGSSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLIPIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2794 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０７８８】

【表Ａ１－２４６】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2795 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2795 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |

【０７８９】

10

20

30

40

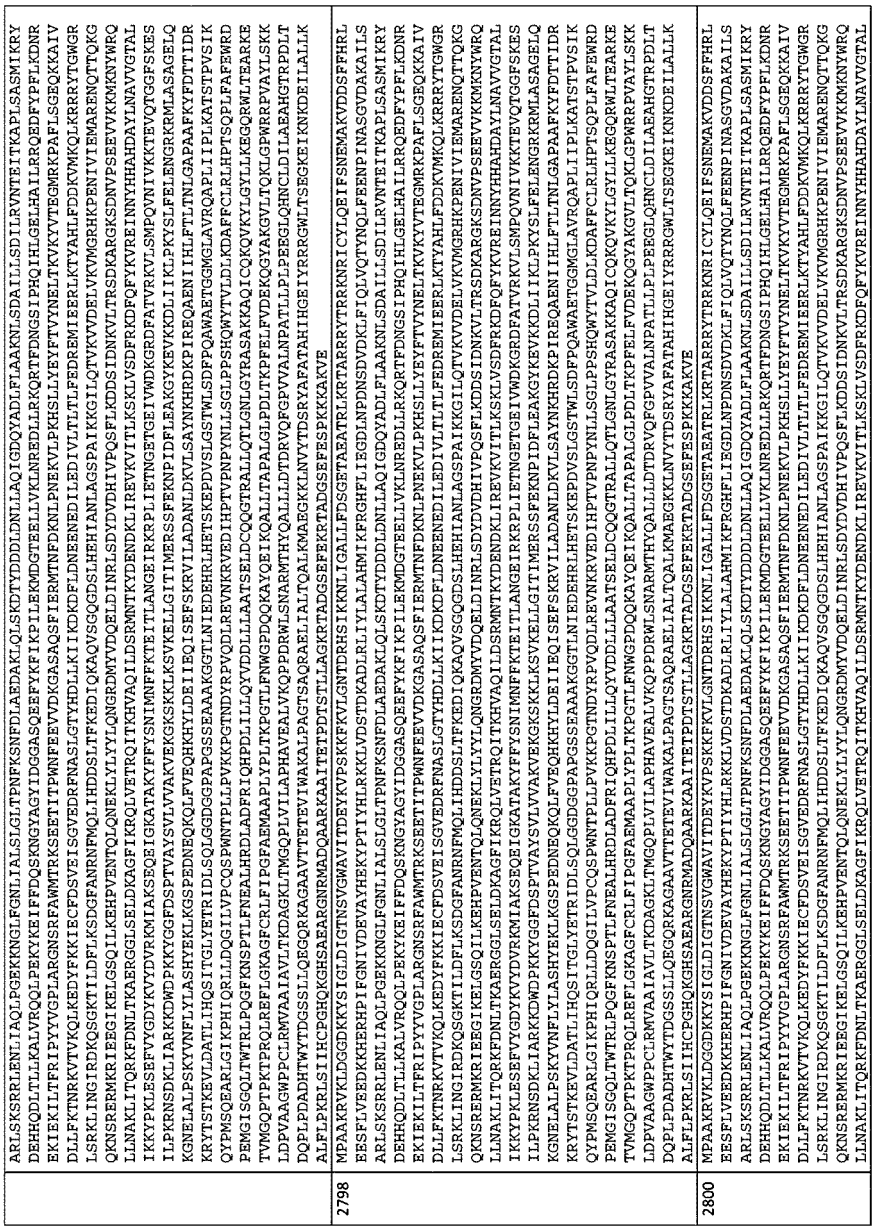
50

【表Ａ１－２４７】

| | |
|---|---|
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2797 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 2797 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALITAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 2798 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０７９０】

【表Ａ１－２４８】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESBFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2798 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2800 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０７９１】

【表Ａ１－２４９】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2800 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2801 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０７９２】

【表Ａ１－２５０】

| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKETADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2801 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKETADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2802 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGSGSGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQPARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2803 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０７９３】

【表Ａ１－２５１】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2804 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKE |
| | IKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2804 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０７９４】

【表Ａ１－２５２】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2805 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2808 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |

【０７９５】

【表Ａ１－２５３】

| | |
|---|---|
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2808 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TPKTPRQLRRFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | GIKGIGKFTPEQLRREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKVPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2810 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０７９６】

【表Ａ１－２５４】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2810 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2812 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０７９７】

【表Ａ１－２５５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2813 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７９８】

【表Ａ１－２５６】

| | |
|---|---|
| 2815 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2817 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０７９９】

【表Ａ１－２５７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2818 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2818 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGSGSGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |

【０８００】

【表Ａ１－２５８】

| | |
|---|---|
| | MGTSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLIILQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2819 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2820 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2822 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８０１】

【表Ａ１－２５９】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2823 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2825 | MPAAKRVKLDGSDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８０２】

【表Ａ１－２６０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2826 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSEAAAKGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2827 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |

【０８０３】

【表Ａ１－２６１】

| | |
|---|---|
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKBIKNKDEIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 2828 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 2829 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 2830 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８０４】

【表Ａ１－２６２】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGAAKPAPGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2830 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGAAKPAPGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2831 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８０５】

【表Ａ１－２６３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2833 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2834 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |

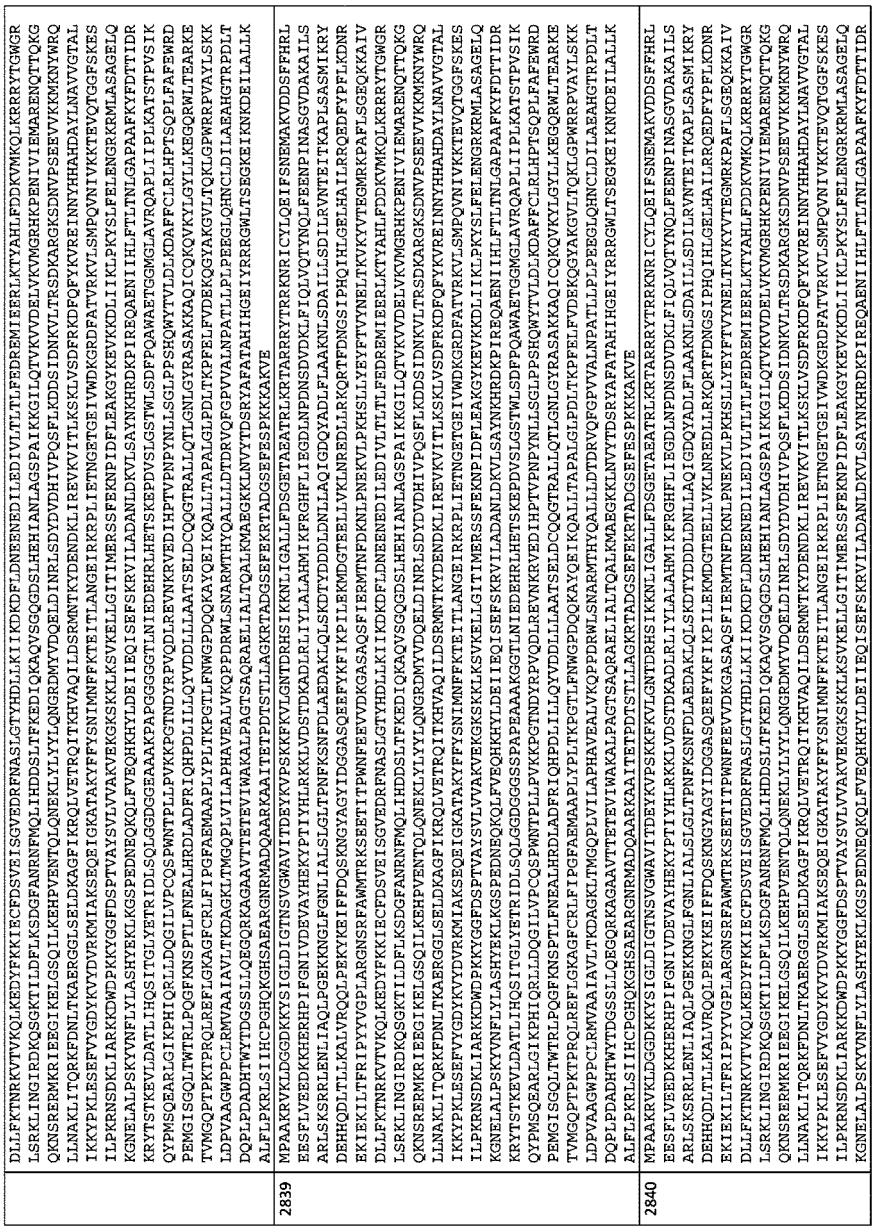
【０８０６】

【表Ａ１－２６４】

| | |
|---|---|
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLPK<br>RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2835 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2836 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKVPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAAGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2838 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８０７】

【表Ａ１－２６５】



【０８０８】

【表Ａ１－２６６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2840 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2844 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８０９】

【表Ａ１－２６７】

| | |
|---|---|
| 2845 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ<br>YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET<br>VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA | 2846 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ<br>QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2848 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG | |

【０８１０】

【表Ａ１－２６８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFQFPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2849 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFQFPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2850 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |

【０８１１】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－２６９】

| | |
|---|---|
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 2850 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 2851 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 2852 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８１２】

【表Ａ１－２７０】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGSSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2855 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGSSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2857 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

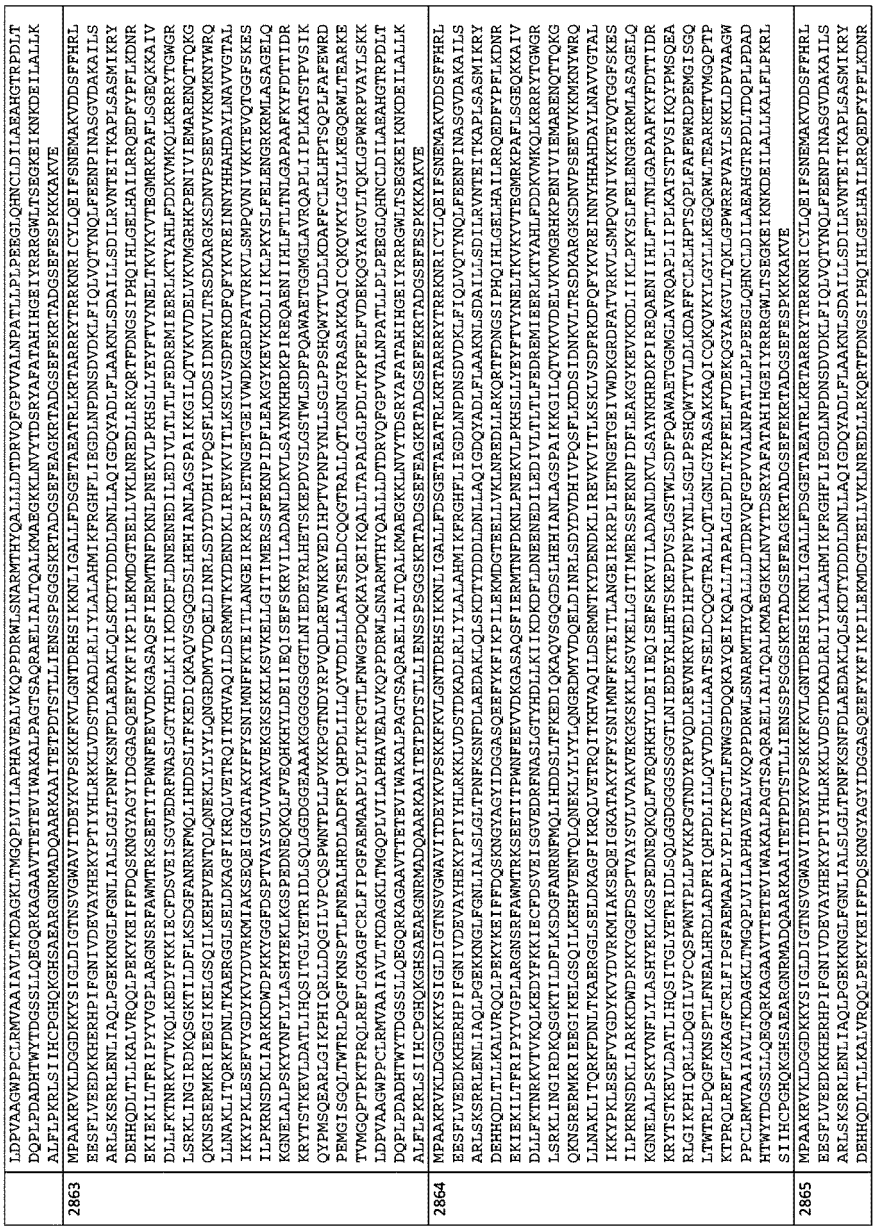
【０８１３】

【表Ａ１－２７１】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2860 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2862 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０８１４】

【表Ａ１－２７２】



| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2863 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWTTVDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2864 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWTTVDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2865 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８１５】

【表Ａ１－２７３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2865 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEA |
| | RLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQ |
| | LTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | KTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | PPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | SIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2866 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

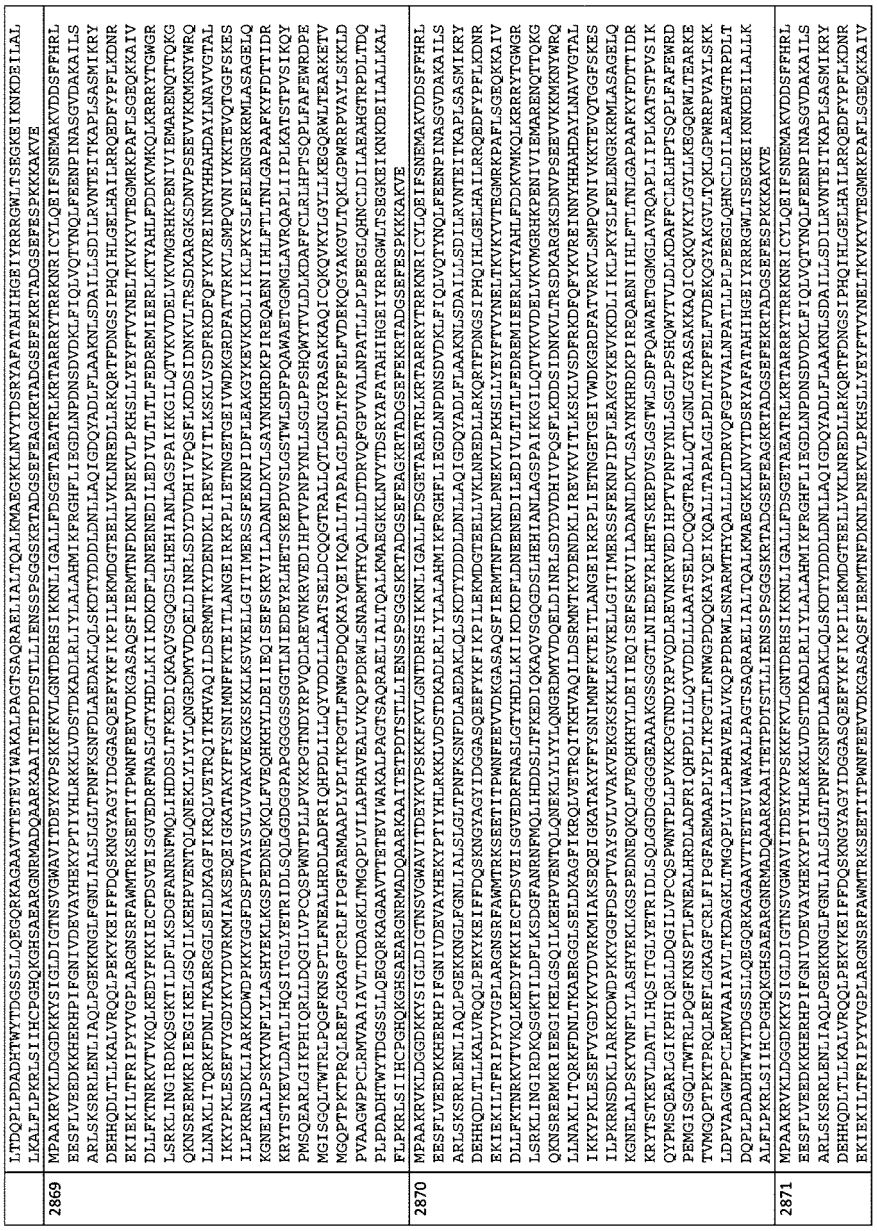
【０８１６】

【表Ａ１－２７４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 2867 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPSPKKKAKVE |
| 2868 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |

【０８１７】

【表Ａ１－２７５】



| | |
|---|---|
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2869 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2870 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８１８】

【表Ａ１－２７６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2871 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2872 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

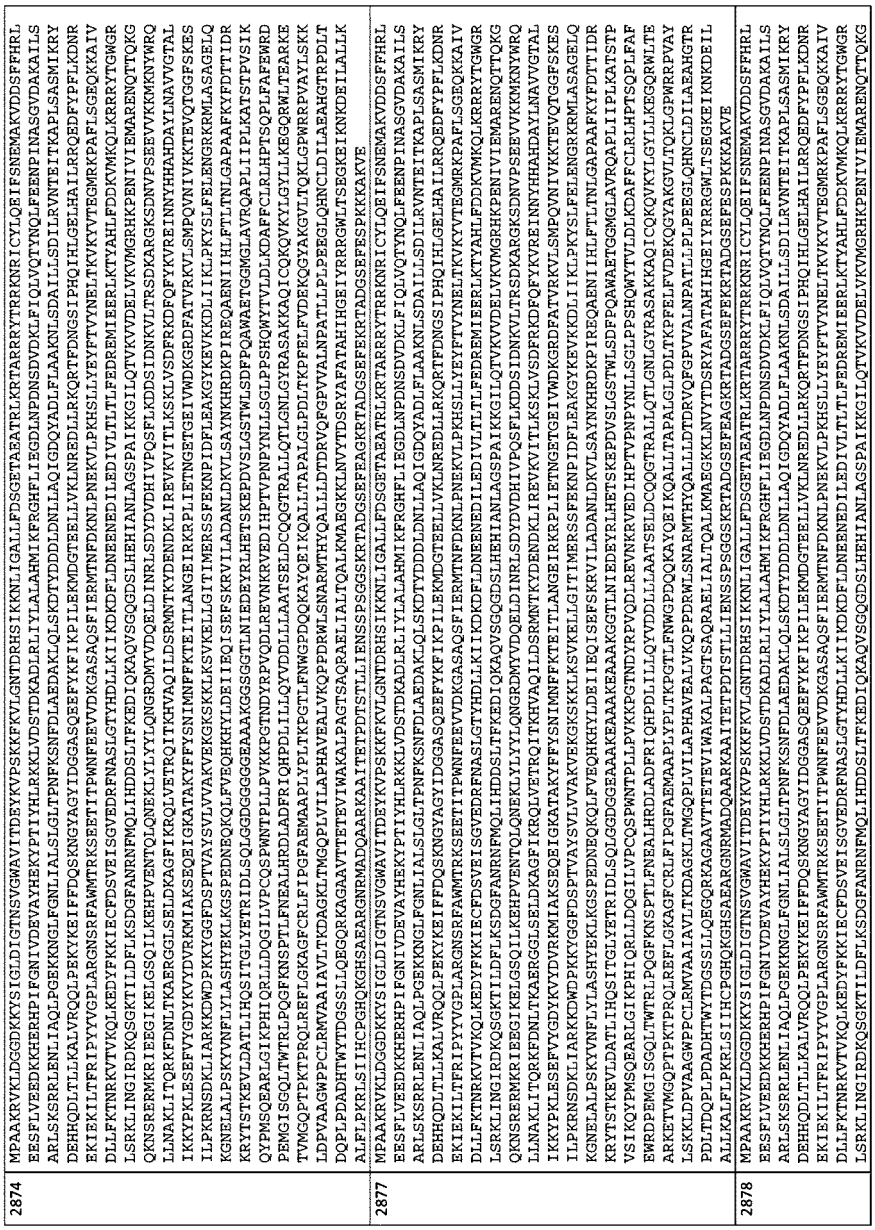
【０８１９】

【表Ａ１－２７７】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGGRAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2873 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2874 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８２０】

【表Ａ１－２７８】



| | |
|---|---|
| 2874 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 2877 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF<br>EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE<br>ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY<br>LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR<br>PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL<br>ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFEPSPKKKAKVE |
| 2878 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８２１】

【表Ａ１－２７９】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2878 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2879 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

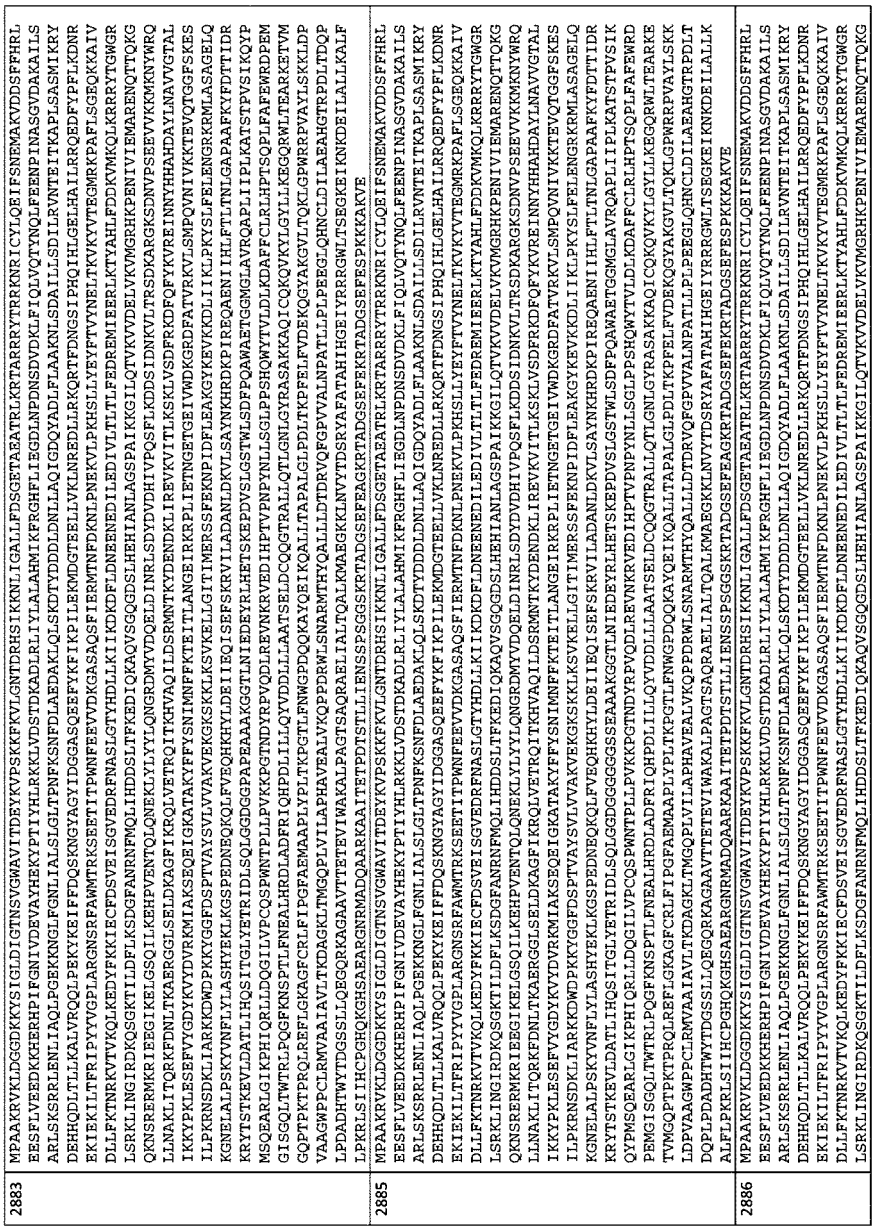
【０８２２】

【表Ａ１－２８０】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2880 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAK |
| | VE |
| 2881 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAK |
| | VE |

【０８２３】

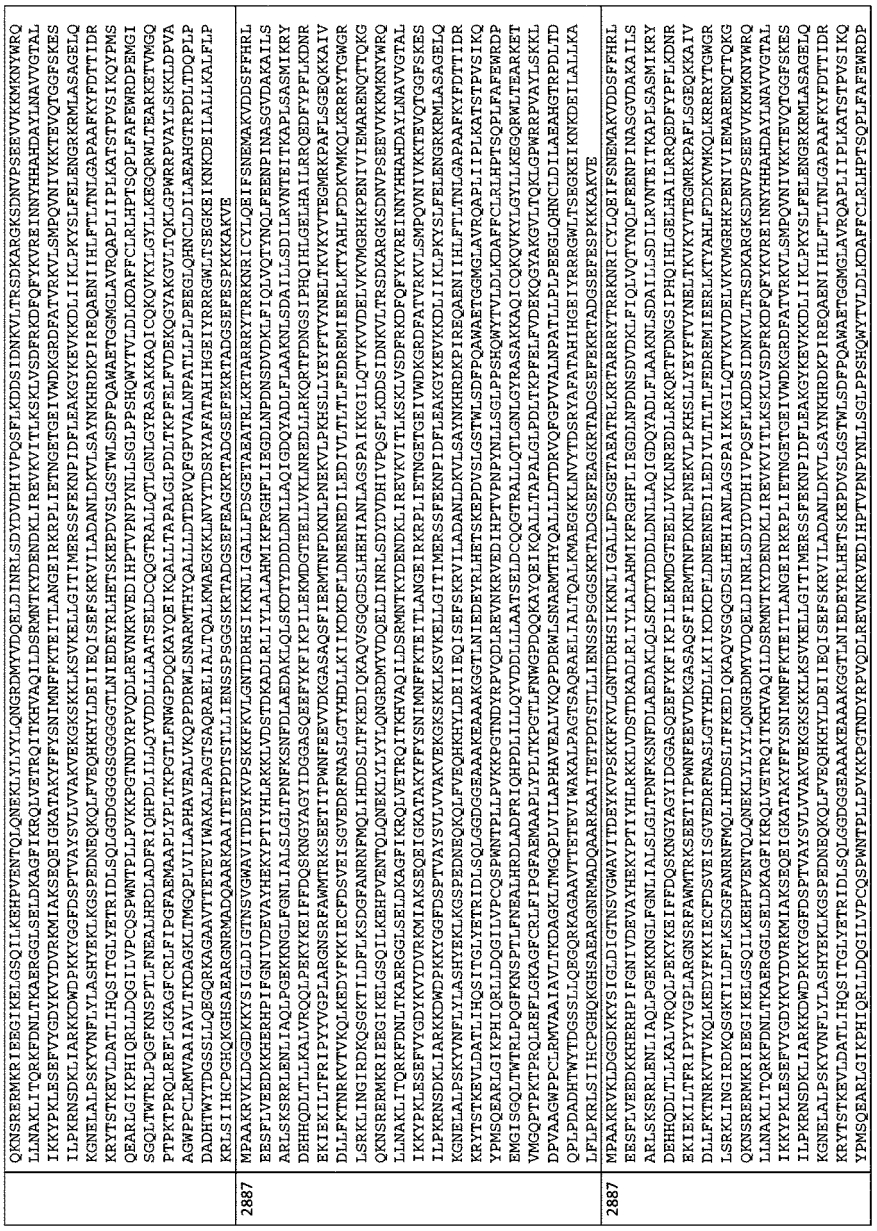
【表Ａ１－２８１】



| | |
|---|---|
| 2883 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM<br>GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM<br>GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2885 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2886 | MPAAKRVKLDGDDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８２４】

【表Ａ１－２８２】



| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIINCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2887 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2887 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPVNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |

【０８２５】

【表Ａ１－２８３】

| | |
|---|---|
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2888 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2890 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2891 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８２６】

【表Ａ１－２８４】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSDGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2893 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSDGGSKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2894 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

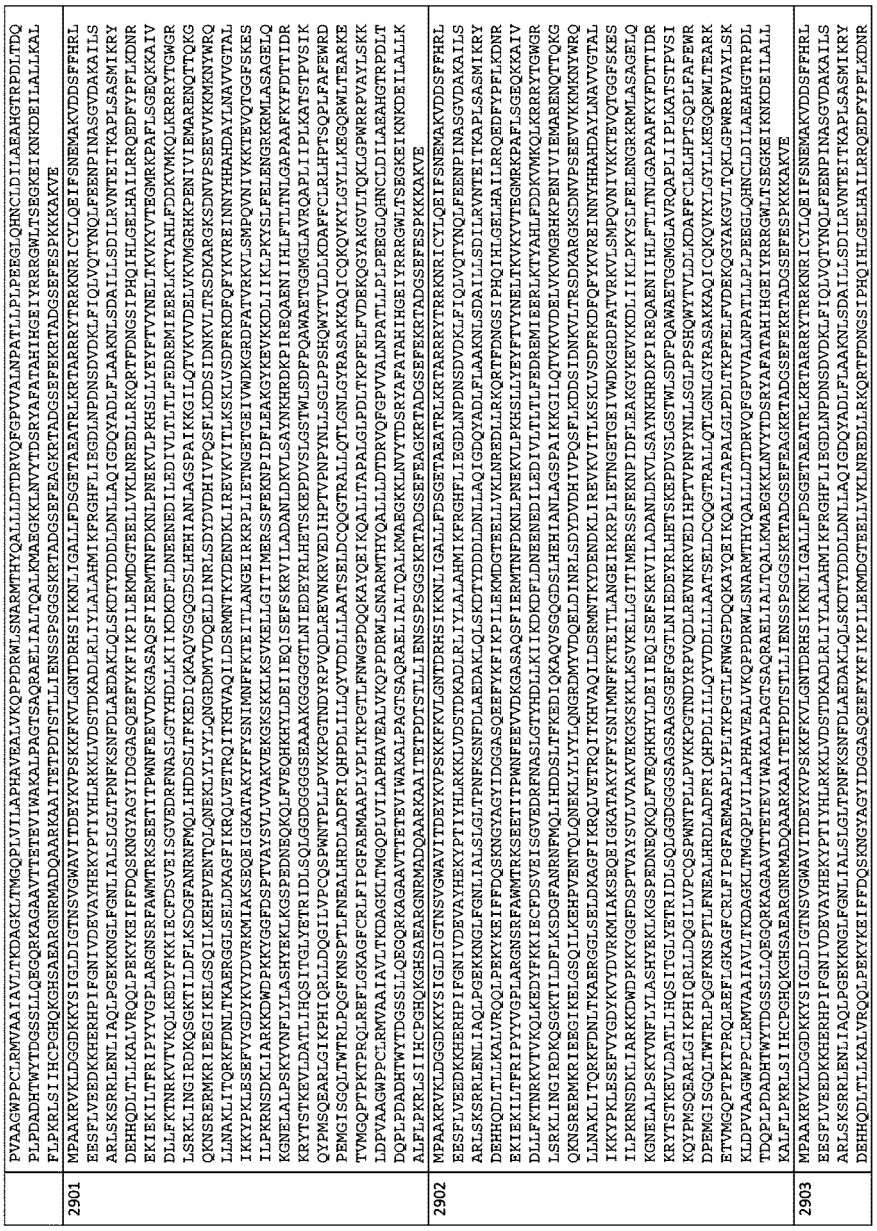
【０８２７】

【表Ａ１－２８５】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLFNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGSSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2895 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLFNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2895 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLFNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０８２８】

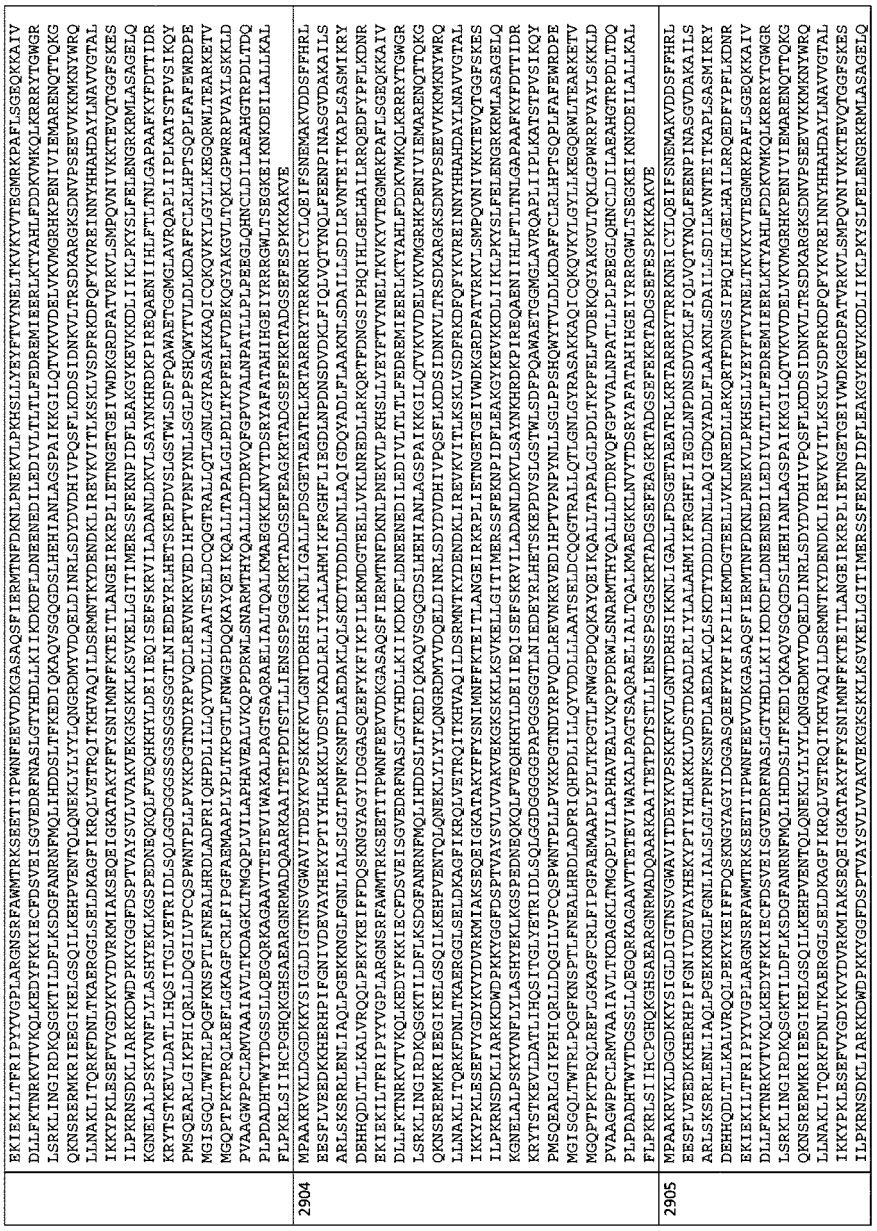
【表Ａ１－２８６】



| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVBALVKQPPDRMLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2901 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2902 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2903 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８２９】

【表Ａ１－２８７】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2904 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2905 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８３０】

【表Ａ１－２８８】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP<br>DADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIALLKALFLP<br>KRLGIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2907 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST<br>PVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFA<br>FEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLT<br>EARKETVMGQPTPKTPRQLRREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVA<br>YLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGT<br>RPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEI<br>LALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2909 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSETPGTSESATPESGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATST<br>YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP<br>EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET<br>VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL<br>DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |

【０８３１】

【表Ａ１－２８９】

| | |
|---|---|
| | QPLPDADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2909 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLRRFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPIPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVVTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2913 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2914 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８３２】

【表Ａ１－２９０】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIILAEAHGTRPDLTDQP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2916 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2920 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８３３】

【表Ａ１－２９１】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPPAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2922 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2924 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPPAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８３４】

【表Ａ１－２９２】

| | |
|---|---|
| 2927 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQE<br>ARLGIKPHIQRLLDQGIIVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISG<br>QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPT<br>PKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>WPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>LSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE | |
| 2928 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE | |
| 2929 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG | |

【０８３５】

【表Ａ１－２９３】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAEIIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2930 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQ<br>PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAEIIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2932 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP<br>VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |

【０８３６】

【表Ａ１－２９４】

| | |
|---|---|
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGSSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2933 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSEAAAKGGGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGSSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2937 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGSEAAAKGGGGSGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGSSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2941 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８３７】

【表Ａ１－２９５】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGSSGSSGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2943 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSSGSSGSSGSSGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH |
| | GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2948 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTVDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８３８】

【表Ａ１－２９６】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2950 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2953 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQBARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |

【０８３９】

10

20

30

40

50

【表Ａ１－２９７】

| | |
|---|---|
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNAREMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATTETPDTSTLLIBNSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2957 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWTVTLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEINKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |
| 2957 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWTVTLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEINKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |
| 2965 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

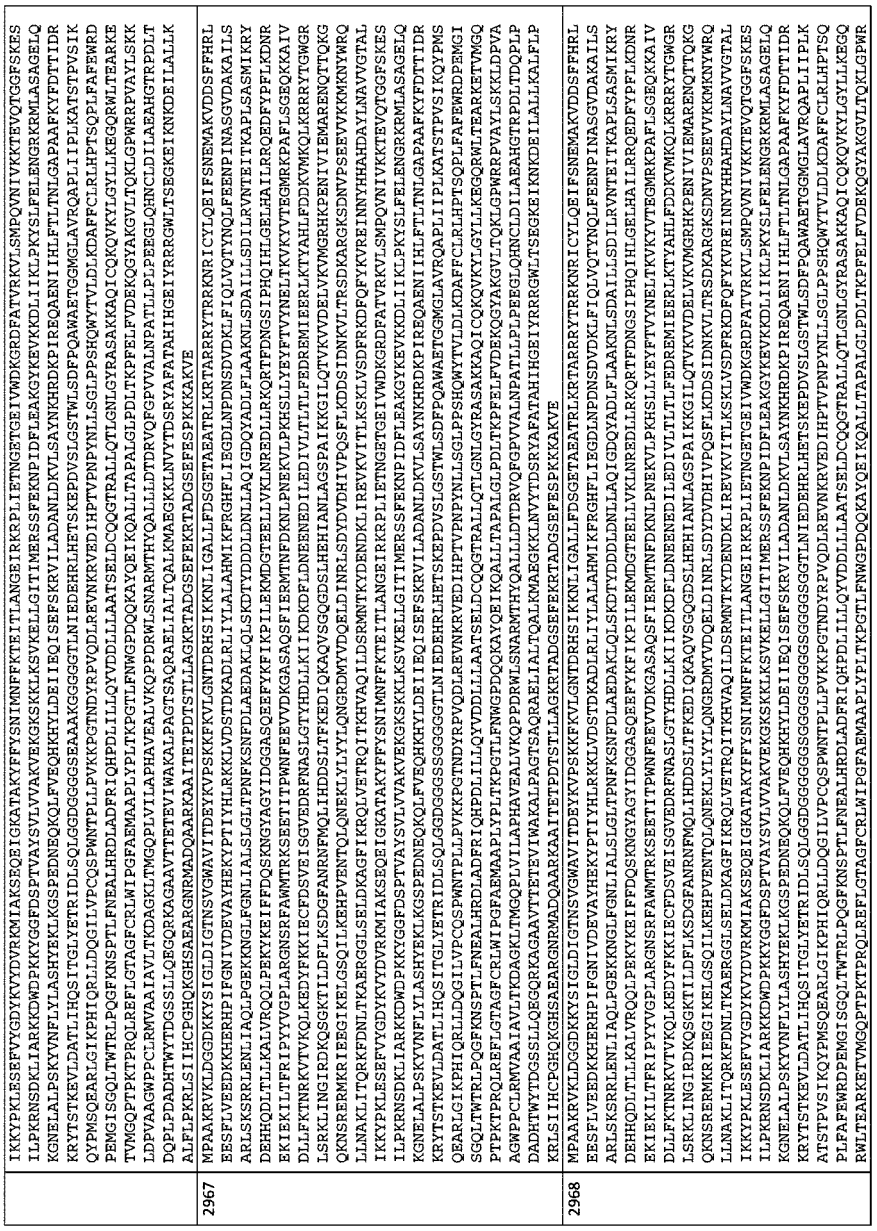
【０８４０】

【表Ａ１－２９８】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSSGSGSSGSGSSGSGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH |
| | GTRPDLITDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2966 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSSGSGSSGSGSSGSGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLIT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2966 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８４１】

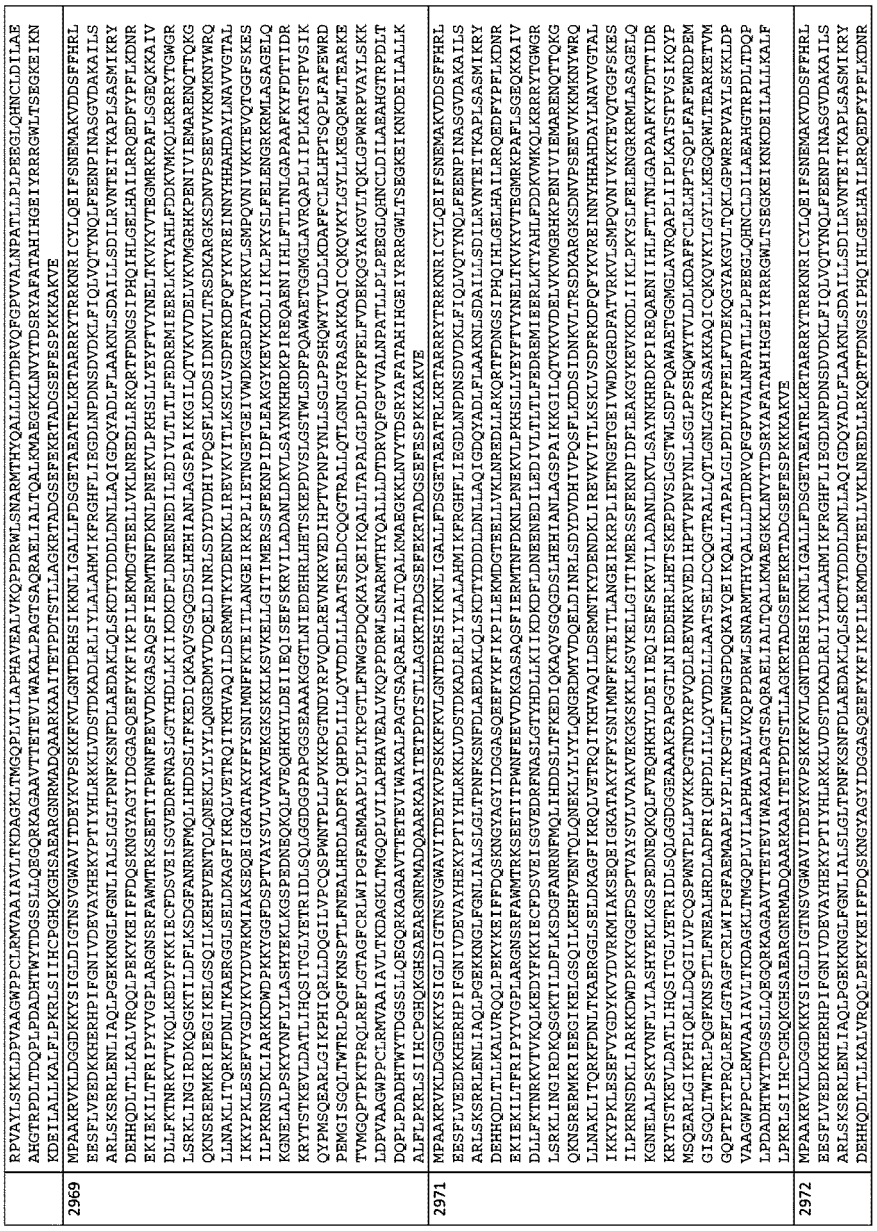
【表Ａ１－２９９】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLIT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEPESPKKKAKVE |
| 2967 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEPESPKKKAKVE |
| 2968 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEPESPKKKAKVE |

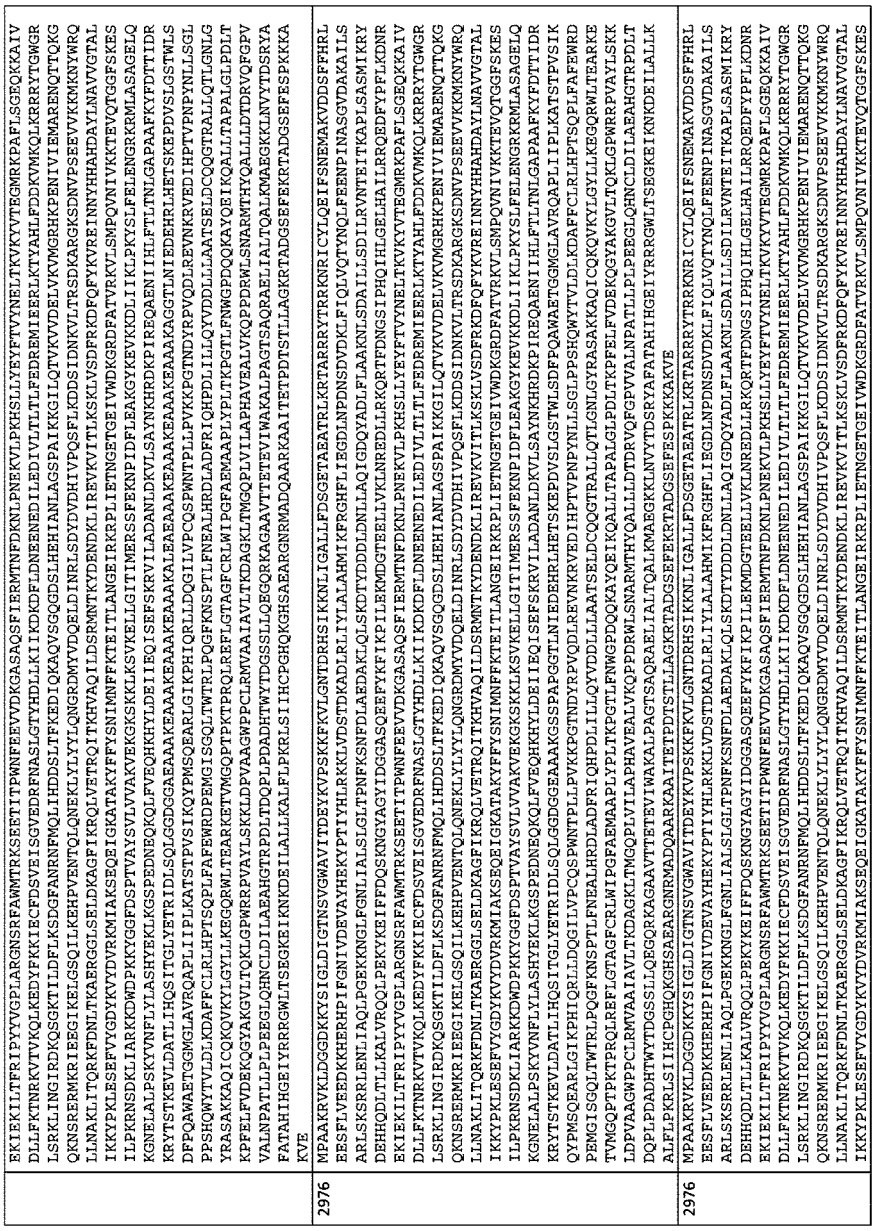
【０８４２】

【表Ａ１－３００】



【０８４３】

【表Ａ１－３０１】



| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLS |
| | DFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL |
| | PPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLG |
| | YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT |
| | KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPV |
| | VALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA |
| | FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKA |
| | KVE |
| 2976 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAKGSSPAPGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIAITQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2976 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |

【０８４４】

【表Ａ１－３０２】

| | |
|---|---|
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVPKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2979 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVPKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2982 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVPKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |

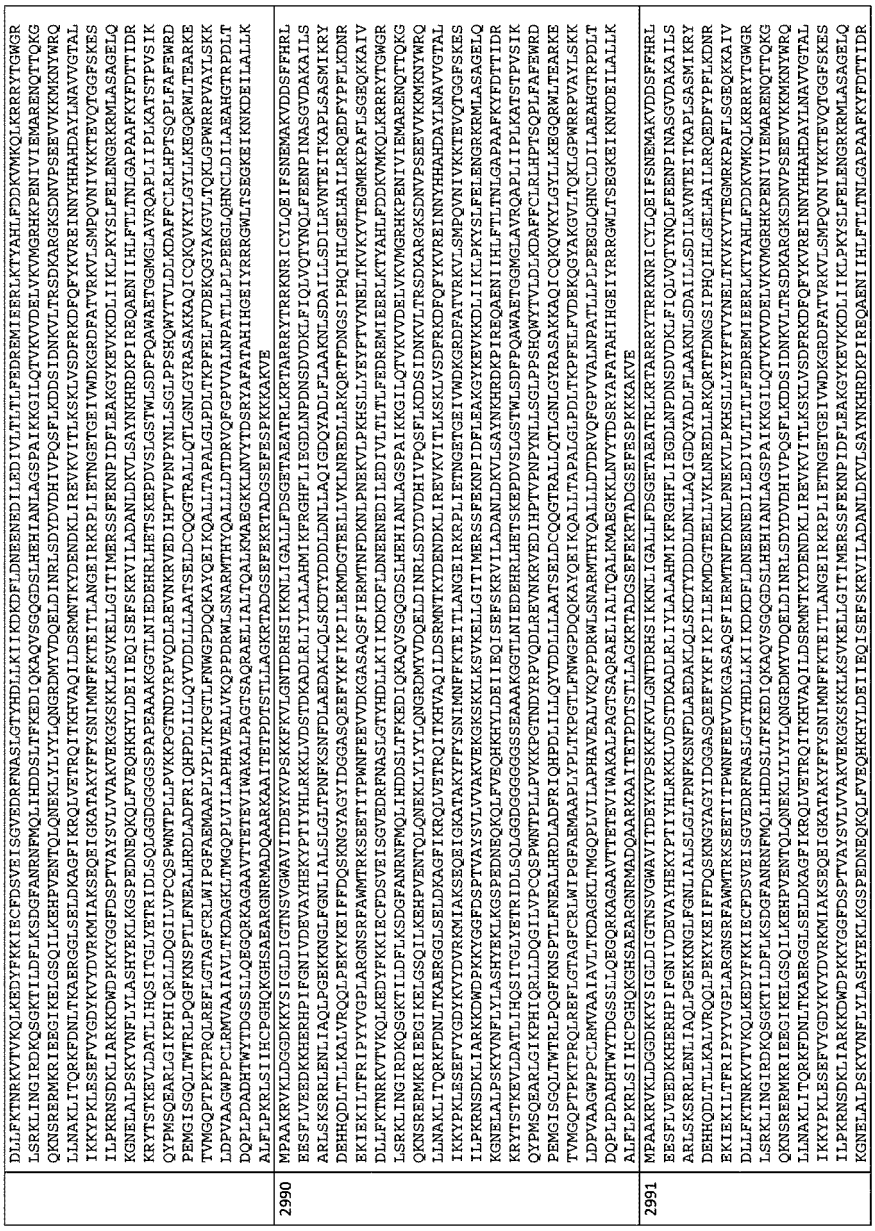
【０８４５】

【表Ａ１－３０３】

| | |
|---|---|
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2983 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQBARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATILPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2983 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQBARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATILPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2987 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８４６】

【表Ａ１－３０４】



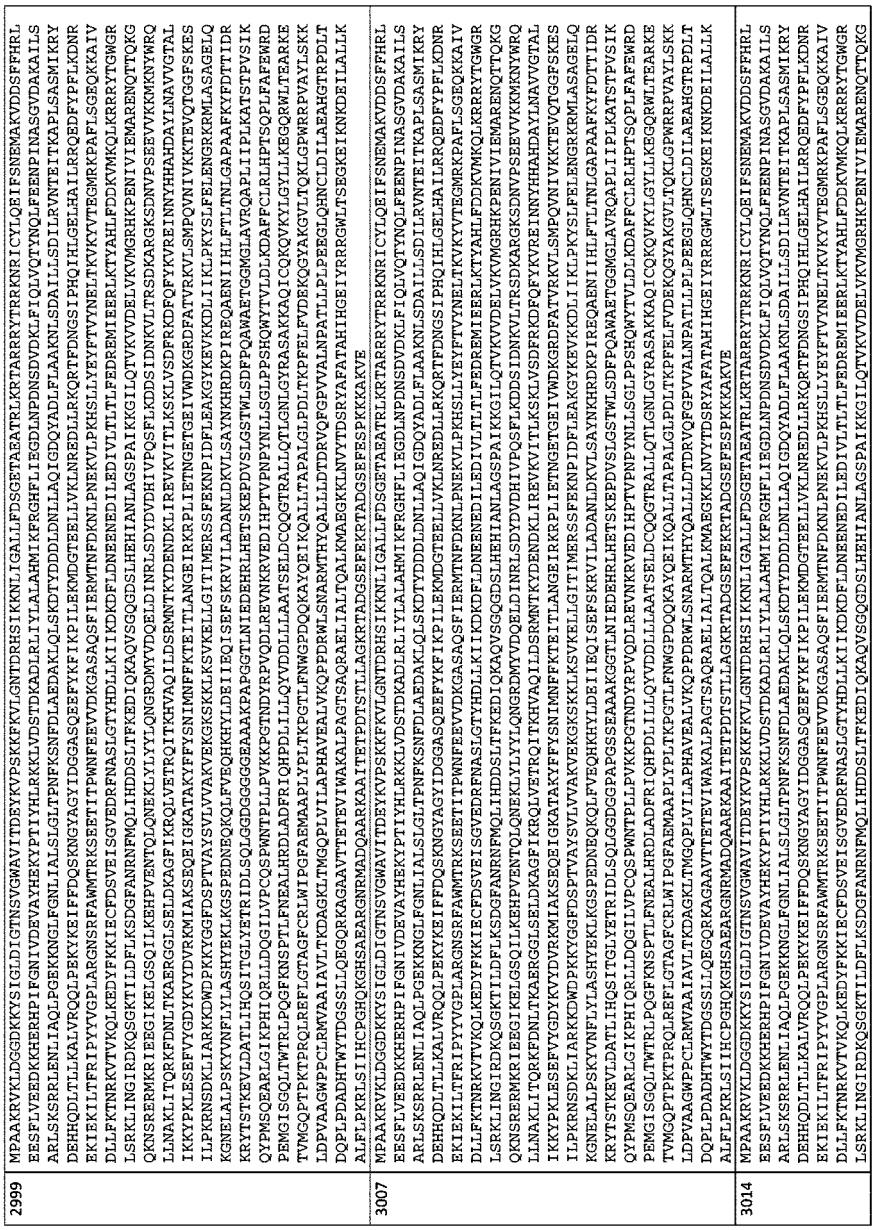
| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPPAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 2990 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| 2991 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８４７】

【表Ａ１－３０５】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGSEAAAKEAAAKEAAAK

【表Ａ１－３０６】



| | |
|---|---|
| 2999 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3007 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3014 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８４９】

【表Ａ１－３０７】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PBMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3015 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3018 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGSGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０８５０】

【表Ａ１－３０８】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3026 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGSGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3035 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGGSGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKAT |
| | STPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPL |
| | FAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRW |
| | LTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRP |
| | VAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAH |
| | GTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKD |
| | EILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3036 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８５１】

【表Ａ１－３０９】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTP |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3037 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGW |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQPGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDAD |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRL |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3039 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８５２】

【表Ａ１－３１０】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKQAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3039 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSI |
| | KQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWR |
| | DPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARK |
| | ETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSK |
| | KLDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDL |
| | TDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALL |
| | KALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKQAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3040 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０８５３】

【表Ａ１－３１１】

| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3041 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3042 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3042 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８５４】

【表Ａ１－３１２】

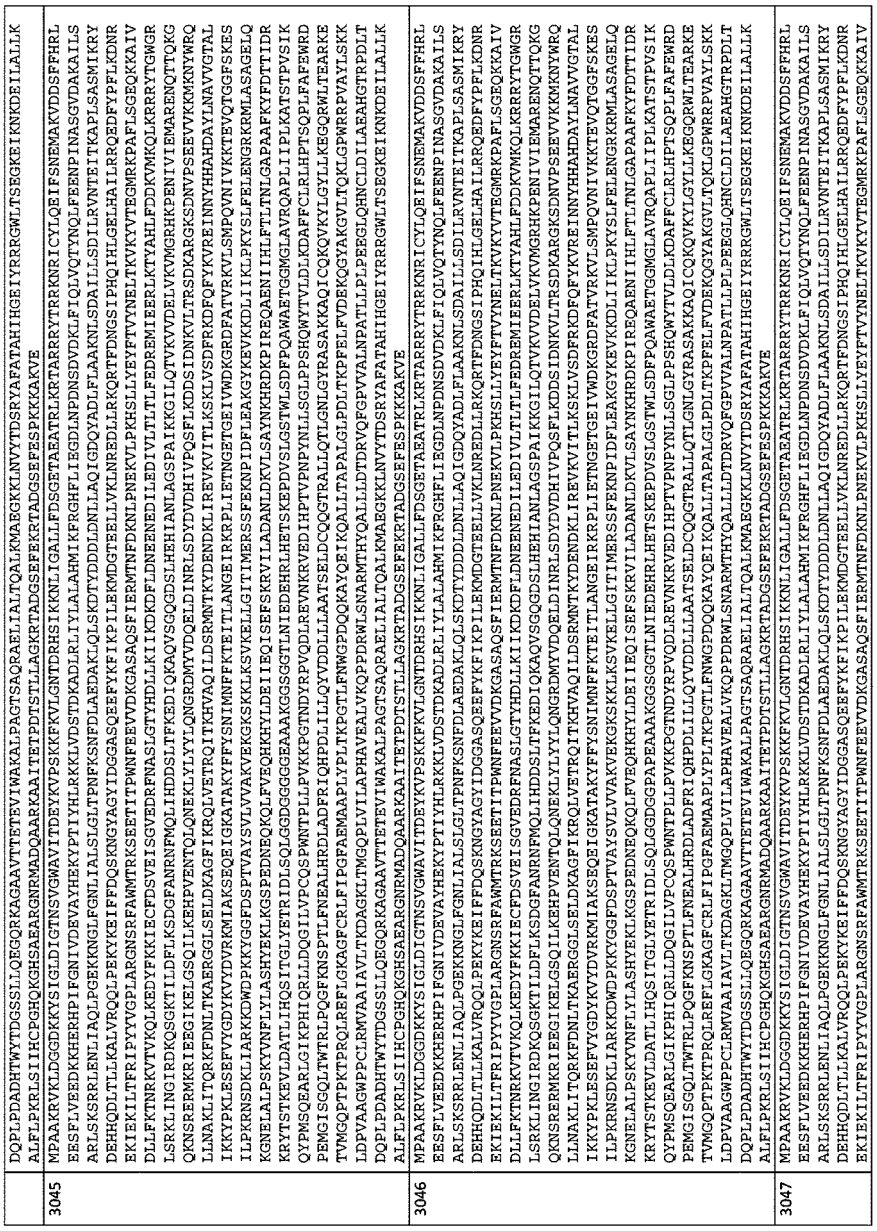
| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3043 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3044 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８５５】

【表Ａ１－３１３】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3044 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3045

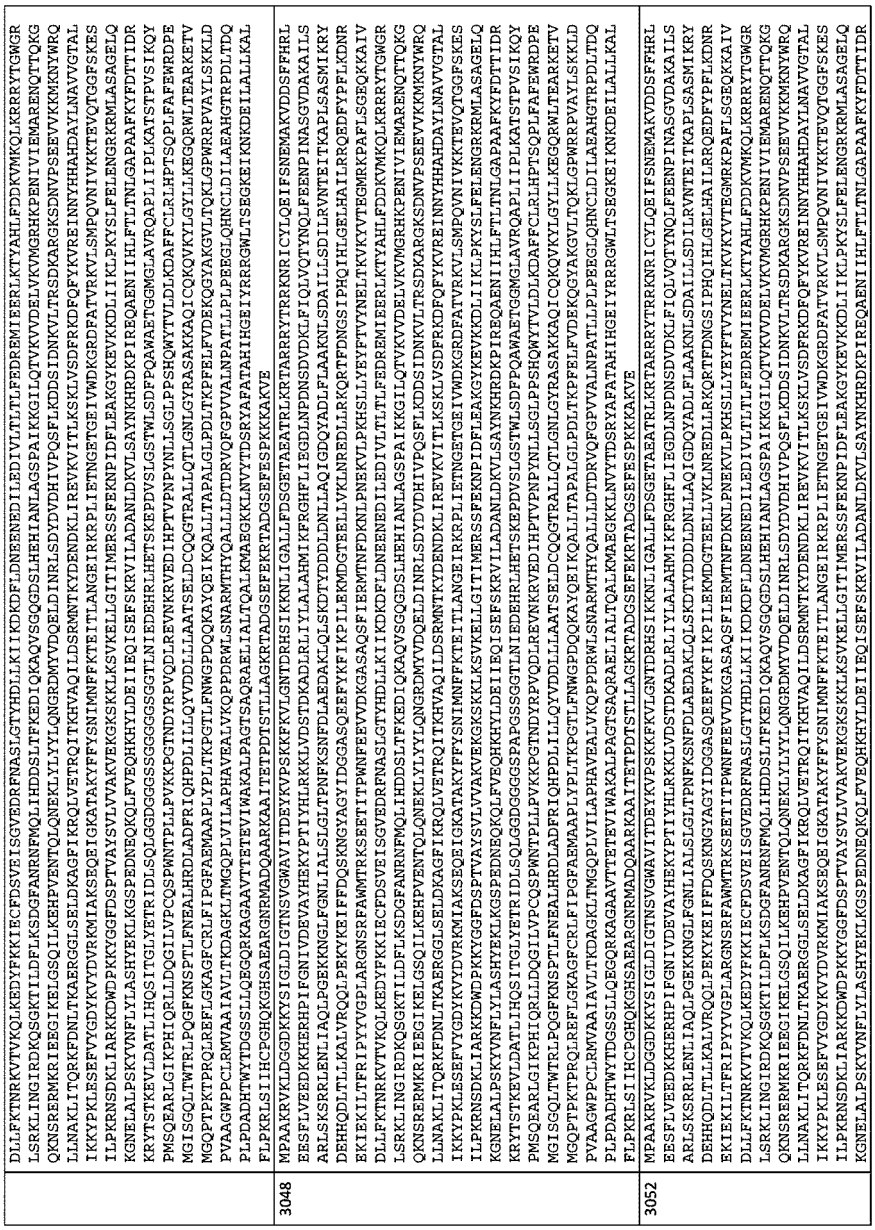
【表Ａ１－３１４】



| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3045 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3046 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3047 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８５７】

【表Ａ１－３１５】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKFTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3048 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKFTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3052 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８５８】

【表Ａ１－３１６】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGPAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3053 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3053 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８５９】

【表Ａ１－３１７】

| | |
|---|---|
| 3054 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3055 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS<br>QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI<br>SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ<br>PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA<br>AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP<br>DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP<br>KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3056 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

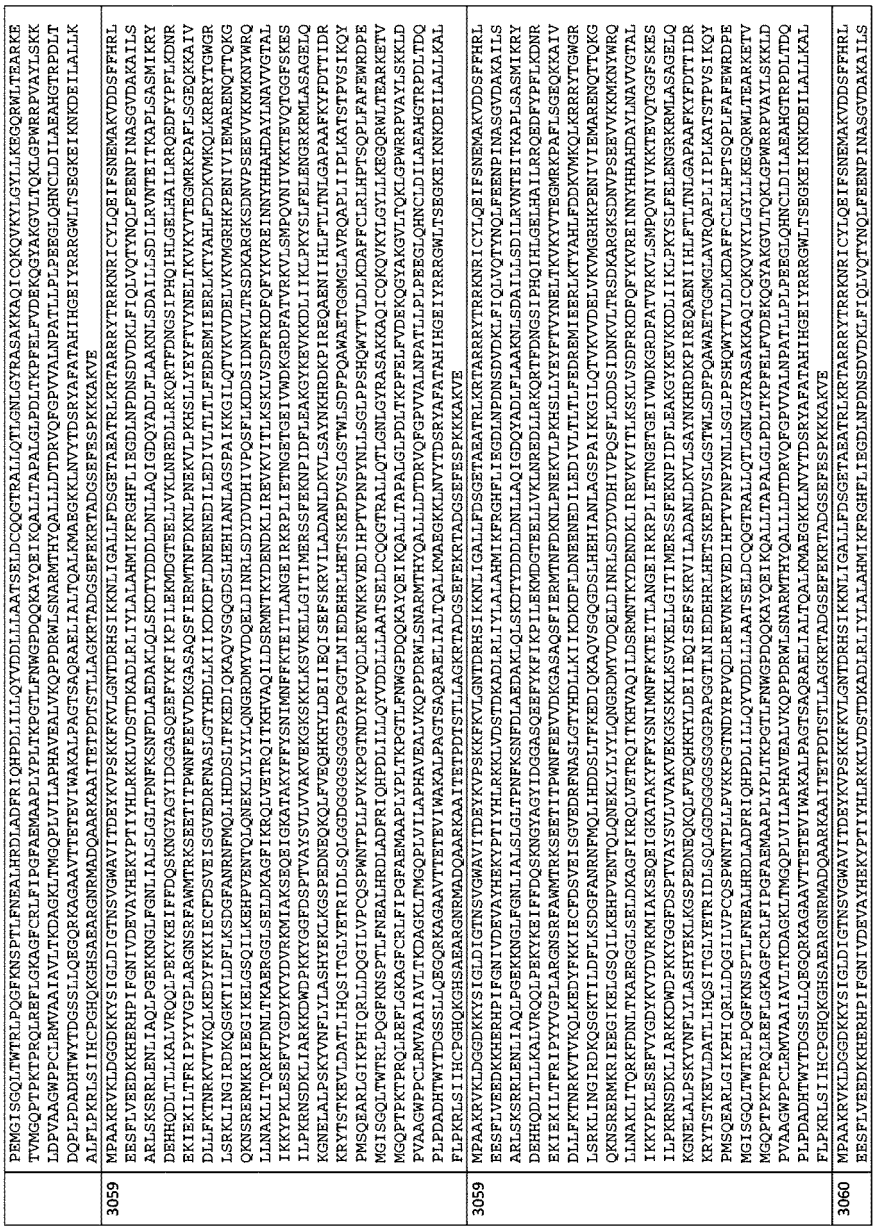
【０８６０】

【表Ａ１－３１８】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLIKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3057 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3057 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０８６１】

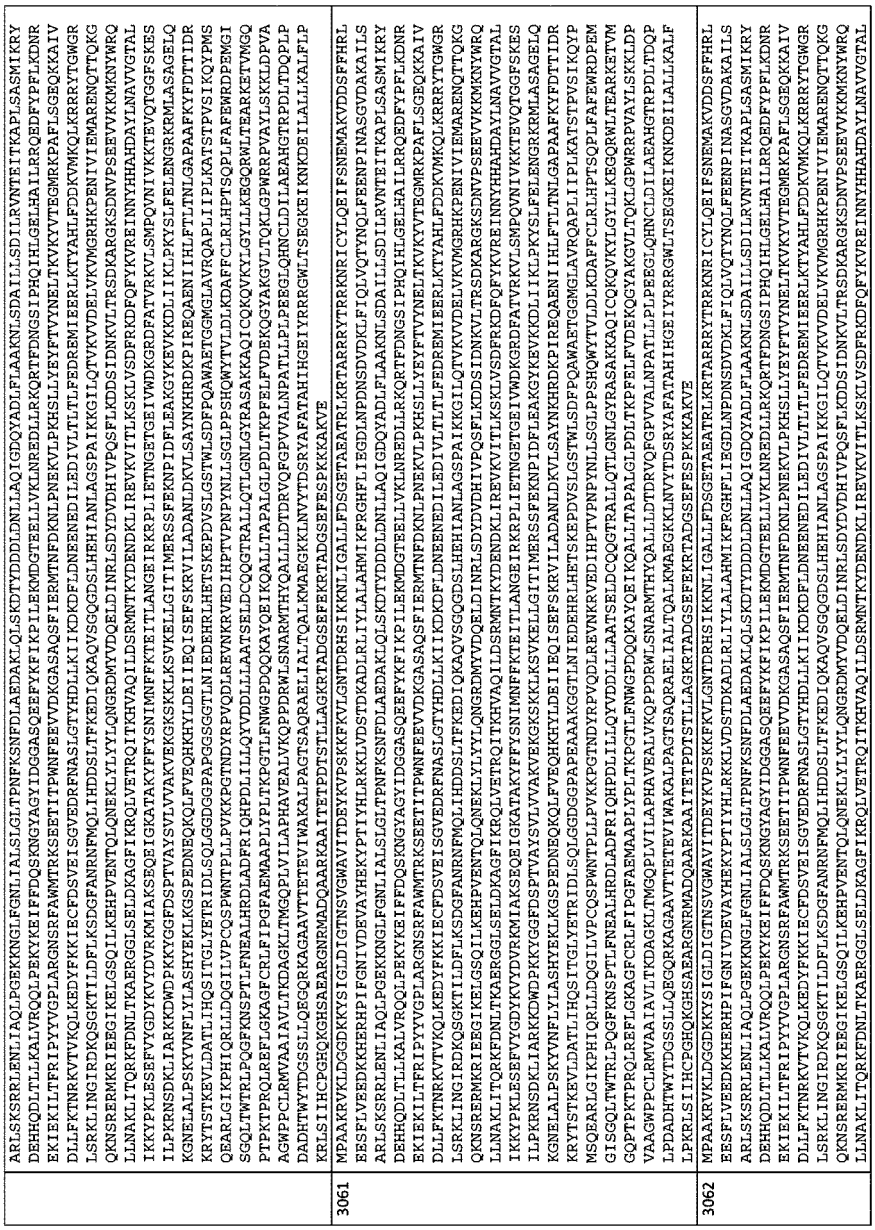
【表Ａ１－３１９】



| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3059 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3059 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3060 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８６２】

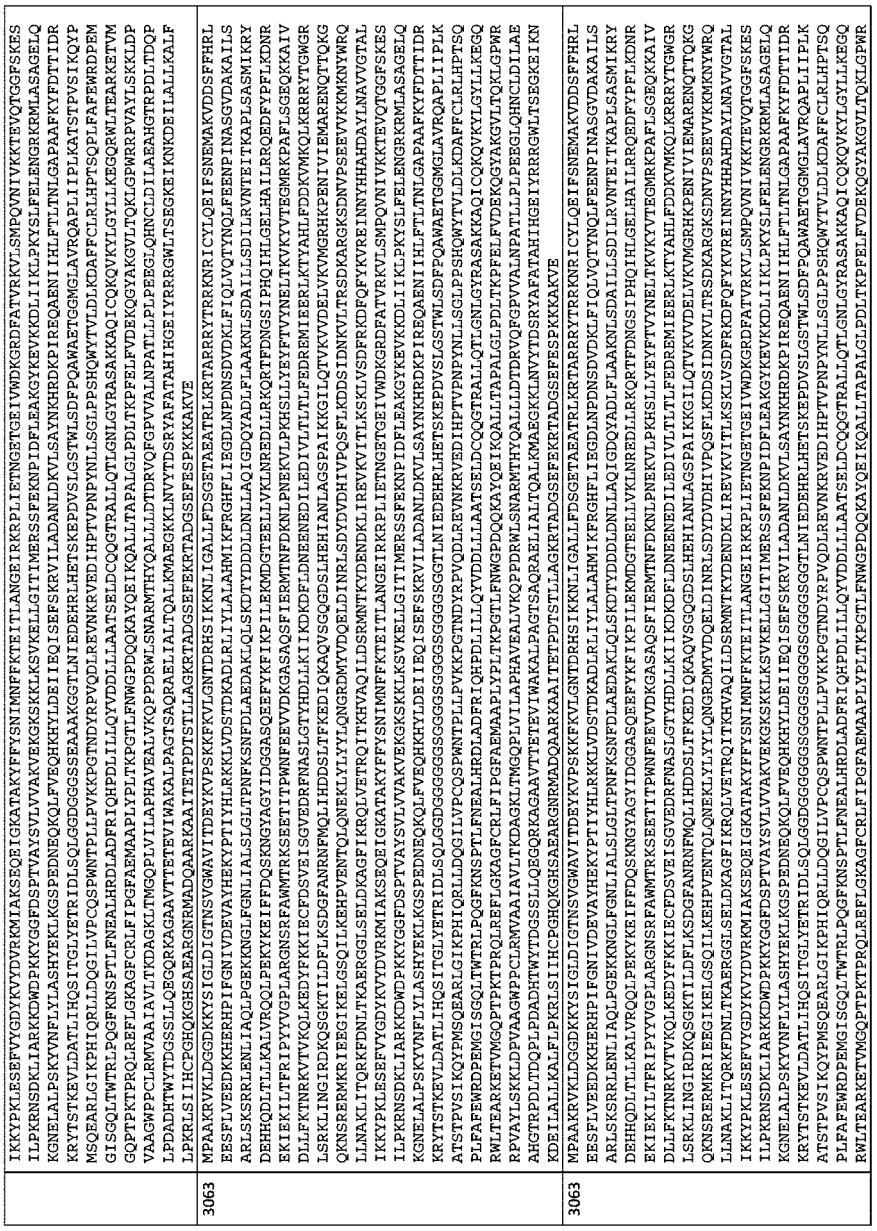
【表Ａ１－３２０】



| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAEIIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3061 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLIAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAEIIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3062 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８６３】

【表Ａ１－３２１】



| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3063 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGGGSSGGGSSGGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEIIALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3063 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSGGGGSSGGGSSGGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLK |
| | ATSTPVSIKQYPMSQEARIGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQ |
| | PLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQ |
| | RWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWR |

【０８６４】

【表Ａ１－３２２】

| | |
|---|---|
| | RPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAE |
| | AHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKN |
| | KDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 3064 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 3065 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 3067 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８６５】

【表Ａ１－３２３】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSILYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3067 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSILYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3068 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSILYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８６６】

【表Ａ１－３２４】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3070 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3075 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |

【０８６７】

【表Ａ１－３２５】

| | |
|---|---|
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3076 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3076 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3079 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８６８】

【表Ａ１－３２６】

| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSEAAAKGGTLNIEDERHLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3080 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGSGSGGTLNIEDERHLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3081 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８６９】

【表Ａ１－３２７】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQFLPAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGW |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3083 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGSPAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3084 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPD |
| | LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８７０】

【表Ａ１－３２８】

| | |
|---|---|
| 3084 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS<br>IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW<br>RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR<br>KETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>LTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKETADGSEFESPKKKAKVE |
| 3085 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3085 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

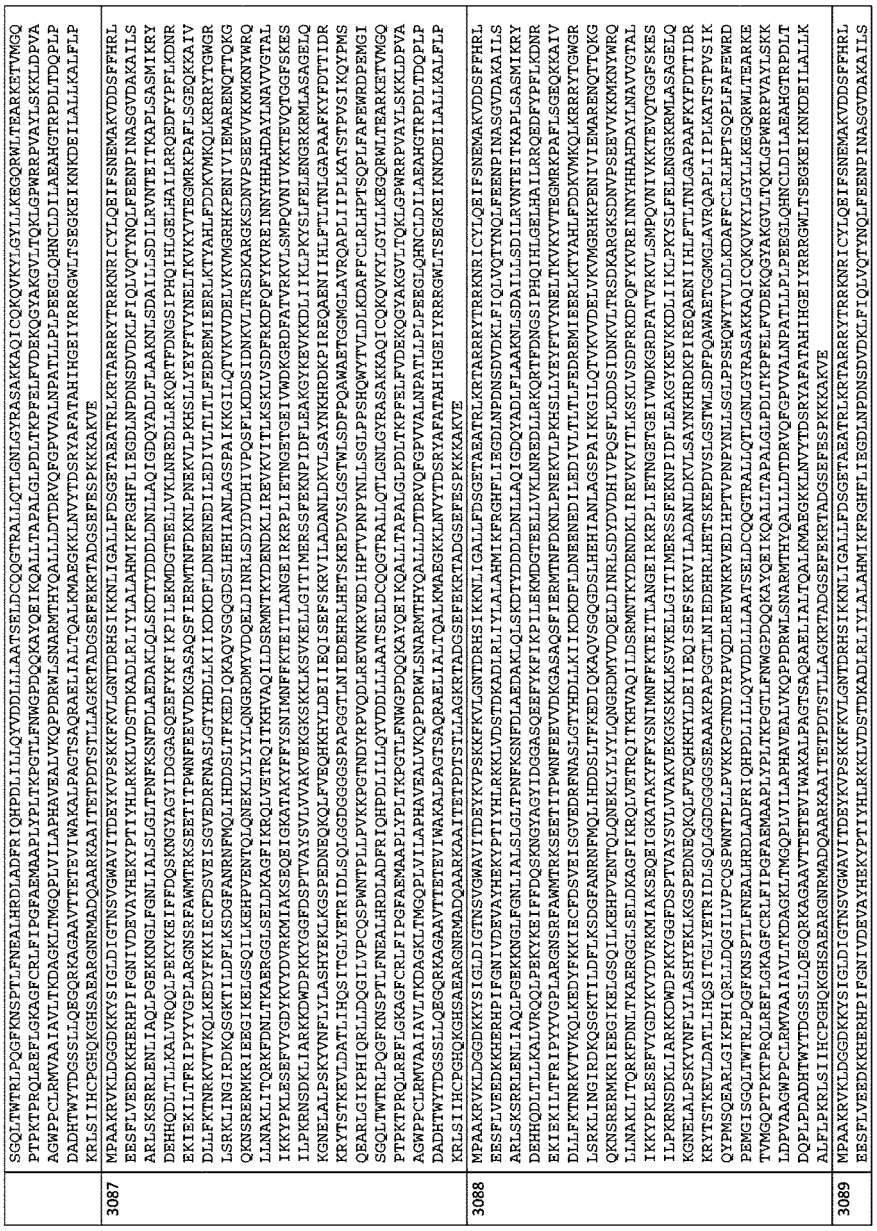
【０８７１】

【表Ａ１－３２９】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PBMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3086 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3087 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |

【０８７２】

【表Ａ１－３３０】



| | |
|---|---|
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLRRFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQRIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 3087 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLRRFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQRIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 3088 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKAKVE |
| 3089 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８７３】

【表Ａ１－３３１】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3091 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3091 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

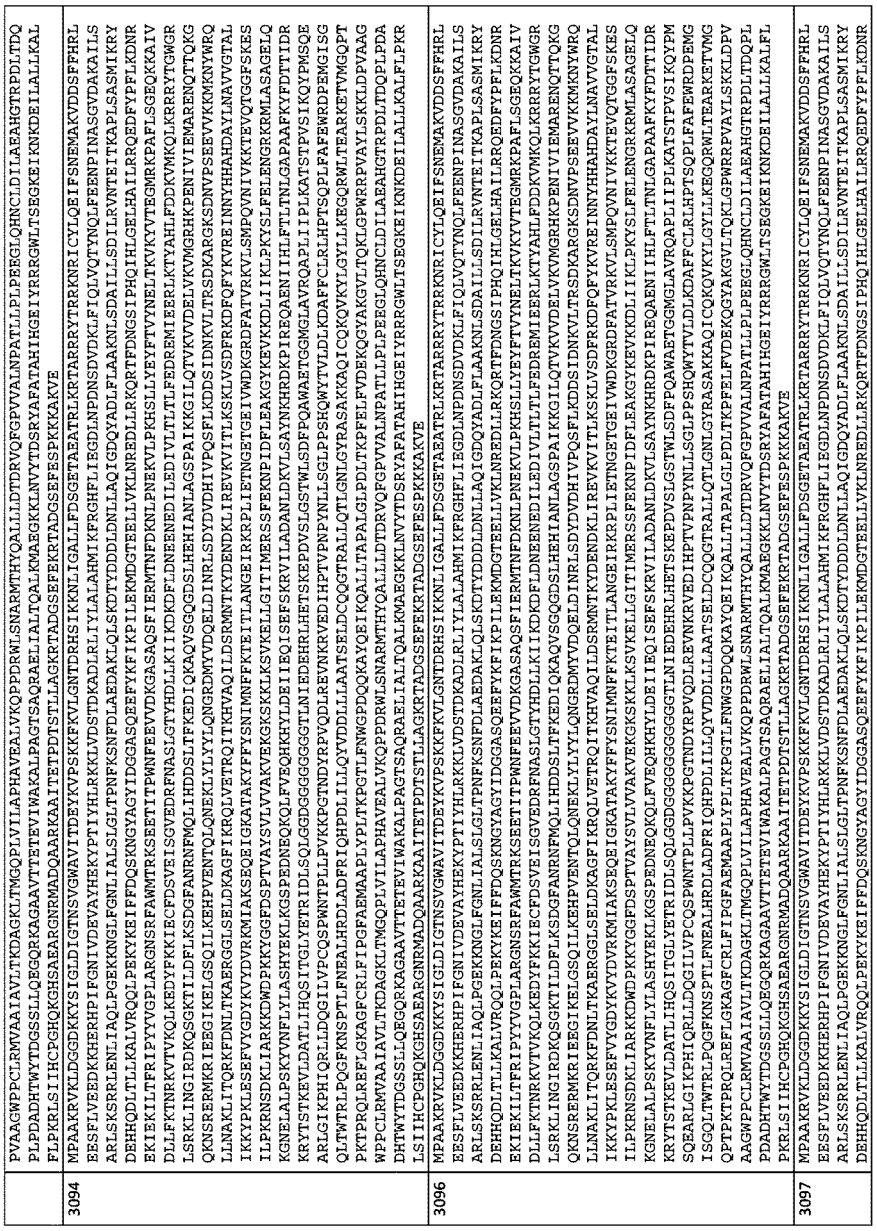
【０８７４】

【表Ａ１－３３２】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSSPAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3092 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSSPAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILA |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3093 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０８７５】

【表Ａ１－３３３】



| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIITHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3094 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPM |
| | QLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEQGRWLTEARKETVMG |
| | QPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL |
| | PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFL |
| | PKRLSIITHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3097 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８７６】

【表Ａ１－３３４】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSILYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYP |
| | MSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVM |
| | GQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQP |
| | LPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3098 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSILYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3099 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSILYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８７７】

【表Ａ１－３３５】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSEAAAKGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTR |
| | PDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3101 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3103 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

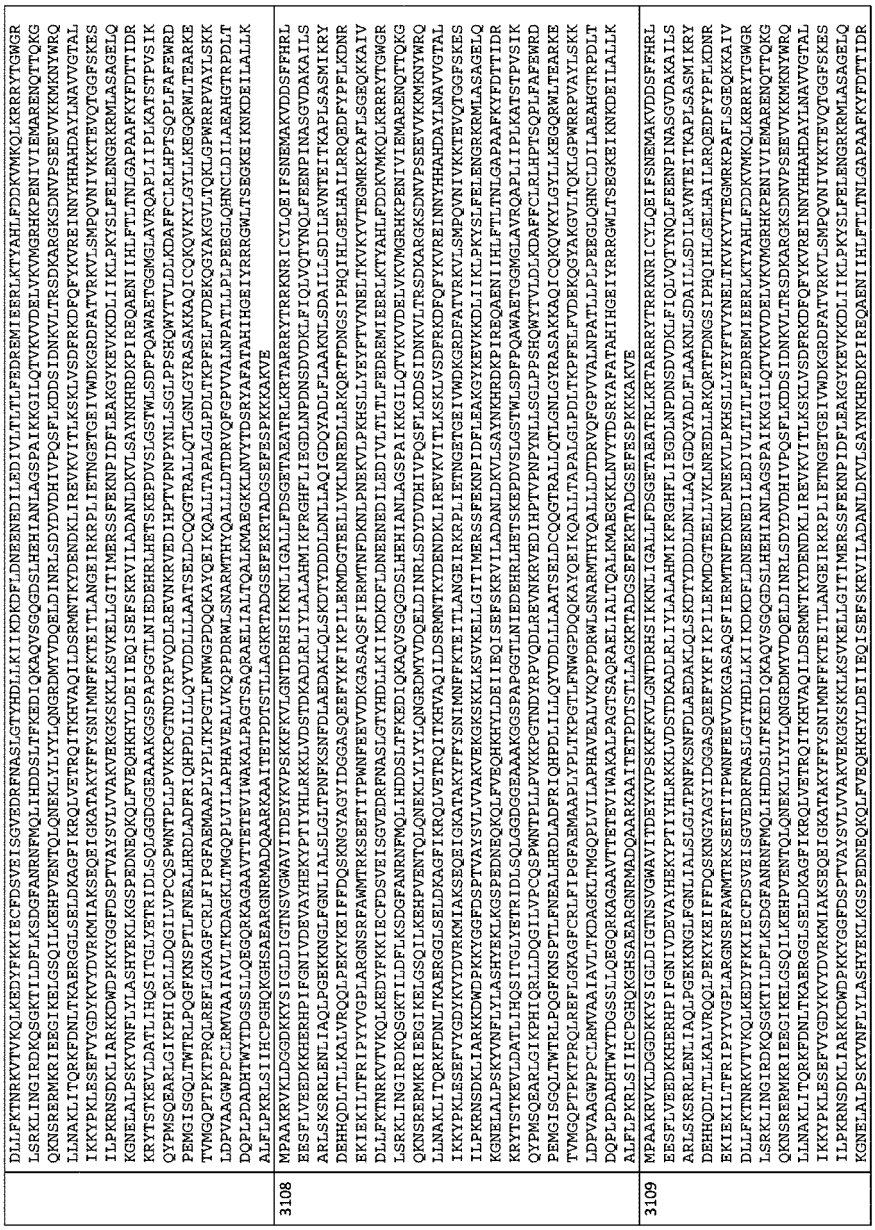
【０８７８】

【表Ａ１－３３６】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3103 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQVVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3107 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEINKDEIILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3108 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０８７９】

【表Ａ１－３３７】



【０８８０】

【表Ａ１－３３８】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSRAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLIT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3110 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQ |
| | YPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP |
| | EMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKET |
| | VMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKL |
| | DPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTD |
| | QPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKA |
| | LFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3111 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８８１】

【表Ａ１－３３９】

| | |
|---|---|
| 3111 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | 3112 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | 3113 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８８２】

10

20

30

40

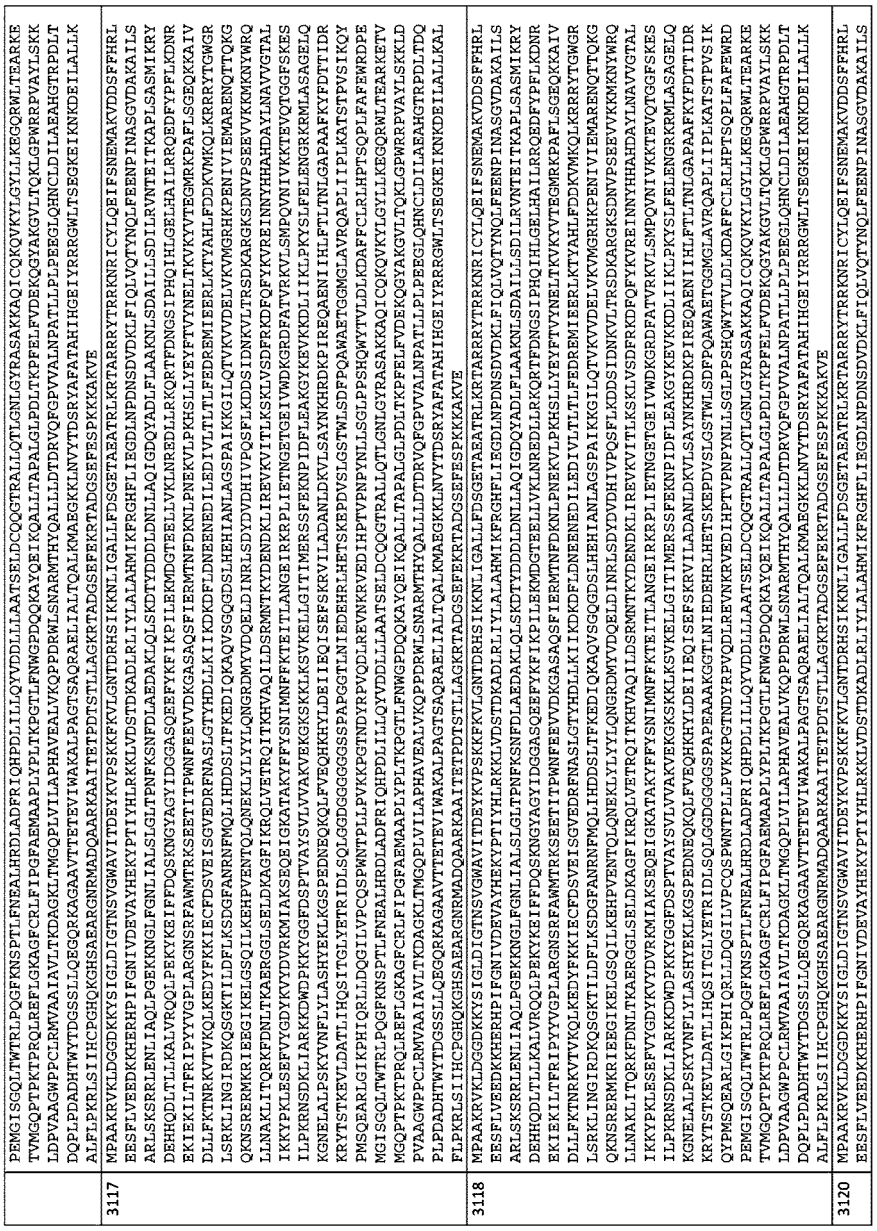
50

【表Ａ１－３４０】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3114 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3116 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERVTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０８８３】

【表Ａ１－３４１】



| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3117 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3118 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3120 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８８４】

【表Ａ１－３４２】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQAARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAV |
| | RQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQAARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAF |
| | FCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVK |
| | YLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKG |
| | VLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGL |
| | QHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | LTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3121 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８８５】

【表Ａ１－３４３】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGGGSSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 3123 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQ |
| | EARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGIS |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQP |
| | TPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLPD |
| | ADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALPK |
| | RLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 3124 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITIANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGPAPGSGSGGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |

【０８８６】

10

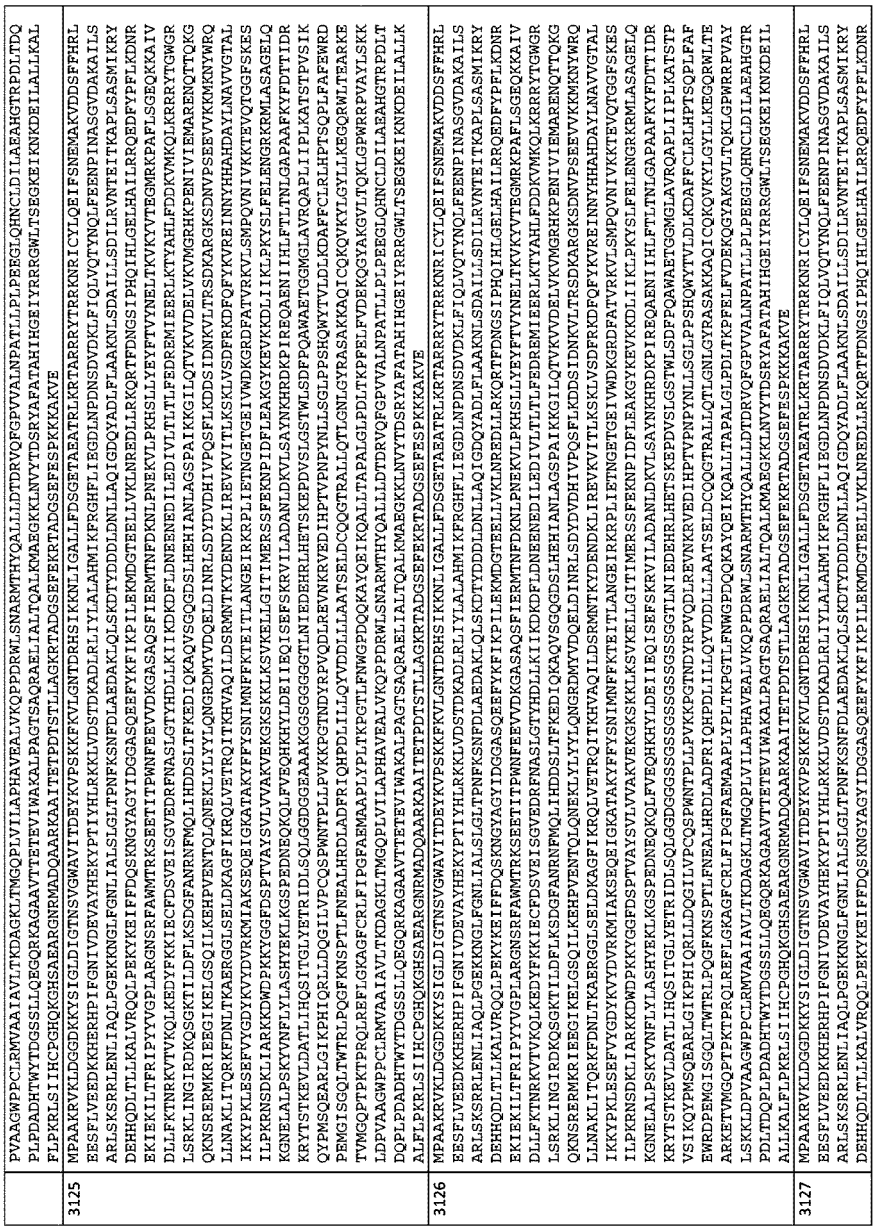
20

30

40

50

【表Ａ１－３４４】



| | |
|---|---|
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVBALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3125 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKGHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTALI |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGSGS

【表Ａ１－３４５】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGPAPEAAKGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3130 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGPAPGGGGTINIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3130 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８８８】

【表Ａ１－３４６】

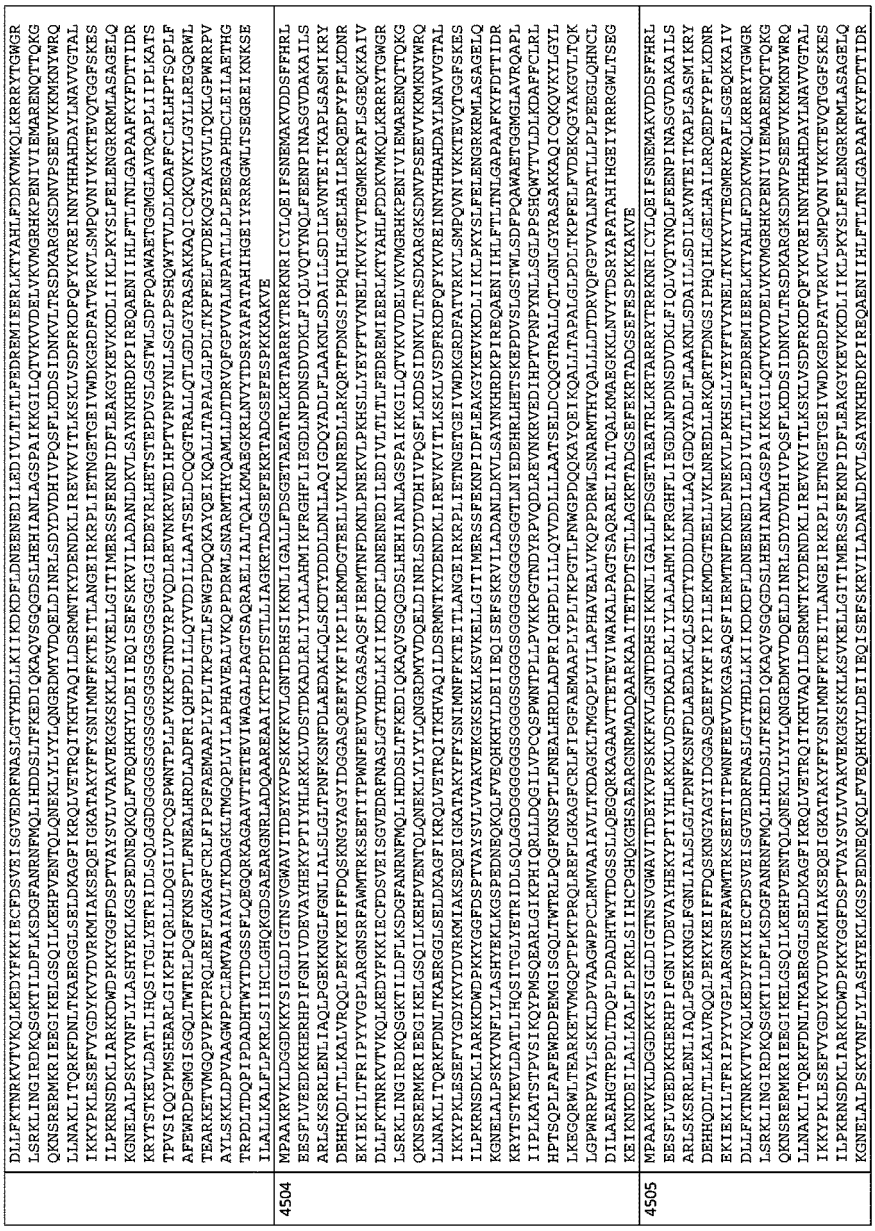
| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPQGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3131 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSSEAAAKGGSGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 3136 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPQGGGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |

【０８８９】

【表Ａ１－３４７】

| | |
|---|---|
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4501 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGGSGGS

【表Ａ１－３４８】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNERLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATS |
| | TPVSIQQYPMSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLF |
| | AFEWRDPGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWL |
| | TEARKETVMGQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPV |
| | AYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | TRPDLTDQPIPDADHTWTTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSE |
| | ILALLKALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARKAAITETPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4504 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNERLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPL |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVIIAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCL |
| | DILAEAHGTRPDLTDQPLPDADHTWTTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEIILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4505 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNERLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

【０８９１】

【表Ａ１－３４９】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSGSGSSGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDIIAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4506 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | VSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLRENVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAF |
| | EWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTE |
| | ARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAY |
| | LSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTR |
| | PDLTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTSTEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIL |
| | ALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4507 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKEAAAKEAAAKGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTP |
| | IIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRL |
| | HPTSQPLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYL |
| | LKEGQRWLTEARKETVMGQPIPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQK |
| | LGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCL |
| | DIIAEAHGTRSDLMDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEG |
| | KEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０８９２】

【表Ａ１－３５０】

| | |
|---|---|
| 4508 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPM<br>SQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMG<br>ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG<br>QPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV<br>AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPL<br>PDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFL<br>PKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAATTETPDTSTLLIENSSPSGGSKRTADGSEFEAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4509 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVR<br>QYPMSKEARGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRD<br>PEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKA<br>TVMKIPPPTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSPAPPAVLNPATLLPVSEEATPVHRCSEIILAEETGTRRDLK<br>DQPLPGVPAWTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEA<br>IHLPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4510 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０８９３】

【表Ａ１－３５１】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPAPAPAPAPAPGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVS |
| | IKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEW |
| | RDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEAR |
| | KETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLS |
| | KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPD |
| | LTDQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGRDIKNKNEILAL |
| | LKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARAAMKAVLETSTLLAGKETADGSEFESPKKKAKVE |
| 4511 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | GQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVMGQP |
| | VPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAA |
| | GWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPIPD |
| | ADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGRDIKNKSEILALKALFLPK |
| | RLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLIAGKETADGSEFESPKKKAKVE |
| 4512 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFVKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAAAKGSSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYPM |
| | SHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGMG |

【０８９４】

【表Ａ１－３５２】

| | |
|---|---|
| | ISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMG |
| | QPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | AAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQPI |
| | PDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEILALLKALFL |
| | PKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAITKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4513 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGDSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4514 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGSSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMS |
| | QEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPEMGI |
| | SGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQ |
| | PTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | AGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQPLP |
| | DADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLP |
| | KRLSIIHCPGHQKGDSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4515 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |

【０８９５】

【表Ａ１－３５３】

| | |
|---|---|
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS |
| | KEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYHDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI |
| | PPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | SGWPTCLKAVAAVALLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLP |
| | GVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALLEAIHLPK |
| | RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4516 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSIDPSWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVELRSGASPVAVRQYPMS |
| | KEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGN |
| | TGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRALNPQVVLLQYVDDLLVAAPTYHDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATVMKI |
| | PPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEEHQKAFDRIKEALSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVA |
| | SGWPTCLKAVAAVALLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQPLP |
| | GVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEIIALLEAIHLPK |
| | RVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4517 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHKQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |

【０８９６】

【表Ａ１－３５４】

| | |
|---|---|
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIQQYP |
| | MSHEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGM |
| | GISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLREGQRWLTEARKETVM |
| | GQPVPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFSWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEIIAETHGTRPDLTDQP |
| | IPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAGALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLKALF |
| | LPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARRAAIKTPPDTSTLLIAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 4518 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKVGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGGSGGLGIEDEYRLHETSTEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFESPSKKKAKVE |
| 4519 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |

【０８９７】

【表Ａ１－３５５】

| | |
|---|---|
| | LDPVAAGWPPCLRMVAATAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4520 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARLAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4521 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPGGGGSGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY |
| | PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE |
| | MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV |
| | MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTDQ |
| | PLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEIIALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4522 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |

【０８９８】

【表Ａ１－３５６】

| | |
|---|---|
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4523 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSEAAAKGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4524 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |

【０８９９】

【表Ａ１－３５７】

| | |
|---|---|
| | KGNELALPSKVVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGSSGGSGGTINIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4525 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ<br>PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4526 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSPAPGSSGGTLNIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQY<br>PMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPE<br>MGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETV<br>MGQPTPKTPRQLRBFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLD<br>PVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLTDQ<br>PIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLKAL<br>FLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |

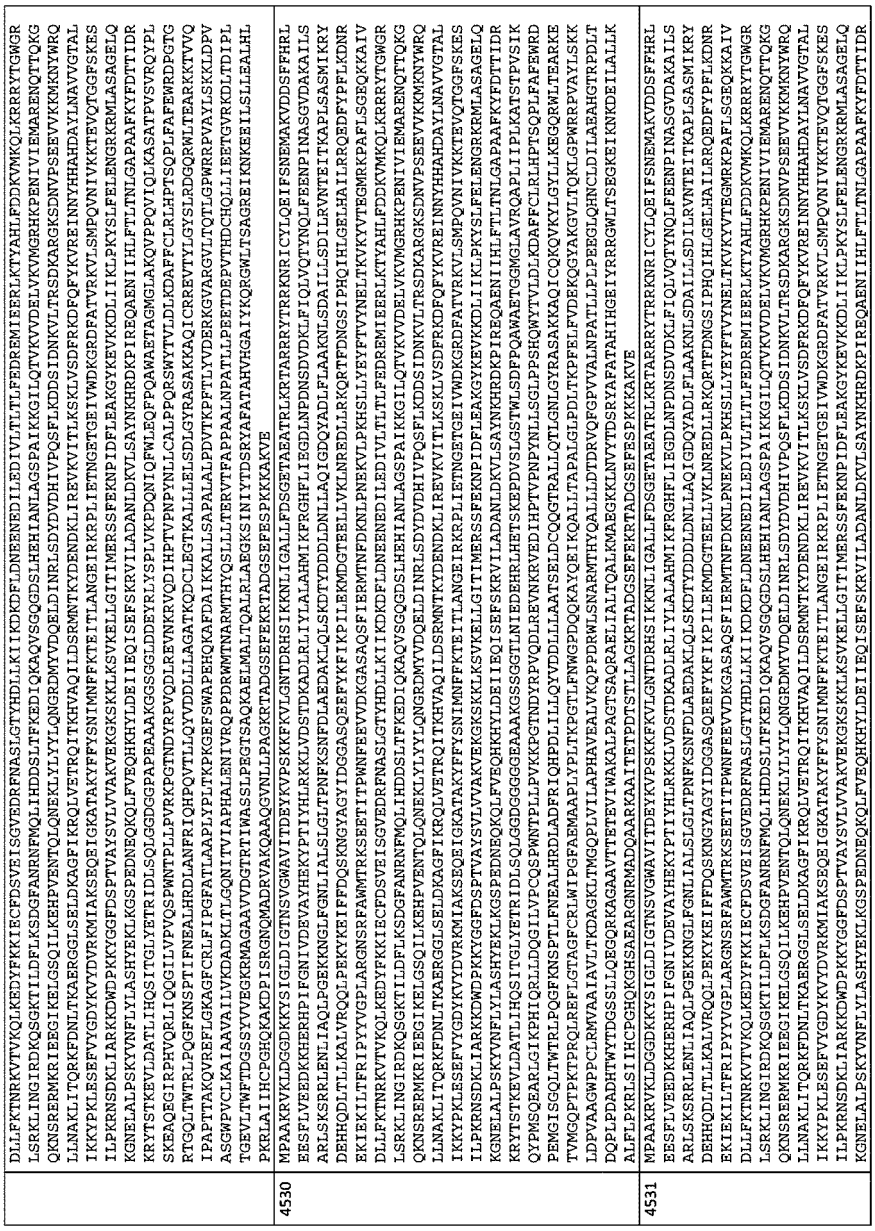
【０９００】

【表Ａ１－３５８】

| | |
|---|---|
| | LLPVESDDTPIHICSEILAEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKRTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVH |
| | GAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILTETTKNAGKRTADGSBFEKRTADGSBFESPKKKAKVE |
| 4527 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNLEDEYRLYETSARPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSBFEKRTADGSBFESPKKKAKVE |
| 4528 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEAAAKGGSGGTLNLEDEYRLYETSARPEVSPGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEAKLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHRWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PGMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDILLAATSELDCQQGTRALLLTLGNLGYRASAKKAQLCQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLRKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGAPHDCLEILAETHGTRPDLT |
| | DQPIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKWAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAARERAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSBFEKRTADGSBFESPKKKAKVE |
| 4529 | MPAAKRVKLDGGDKKYSTGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |

【０９０１】

【表Ａ１－３５９】



| | |
|---|---|
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGPAPEPAAAKGSGSGGLDDEIYRLYSPLVKPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVVIQLKASATPVSVRQYPL |
| | SKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVRKPGTNDYRPVQDLREVNKKVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGTG |
| | RTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICRREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVVQ |
| | IPAPTTAKQVREFLGKAGFCRLFIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPV |
| | ASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTFAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIPL |
| | TGEVLTWFTDGSSYVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALHL |
| | PKRLAIIHCPGHQKAKDPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLPAGKRTADGSEFEKKTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4530 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKKVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4531 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVTDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |

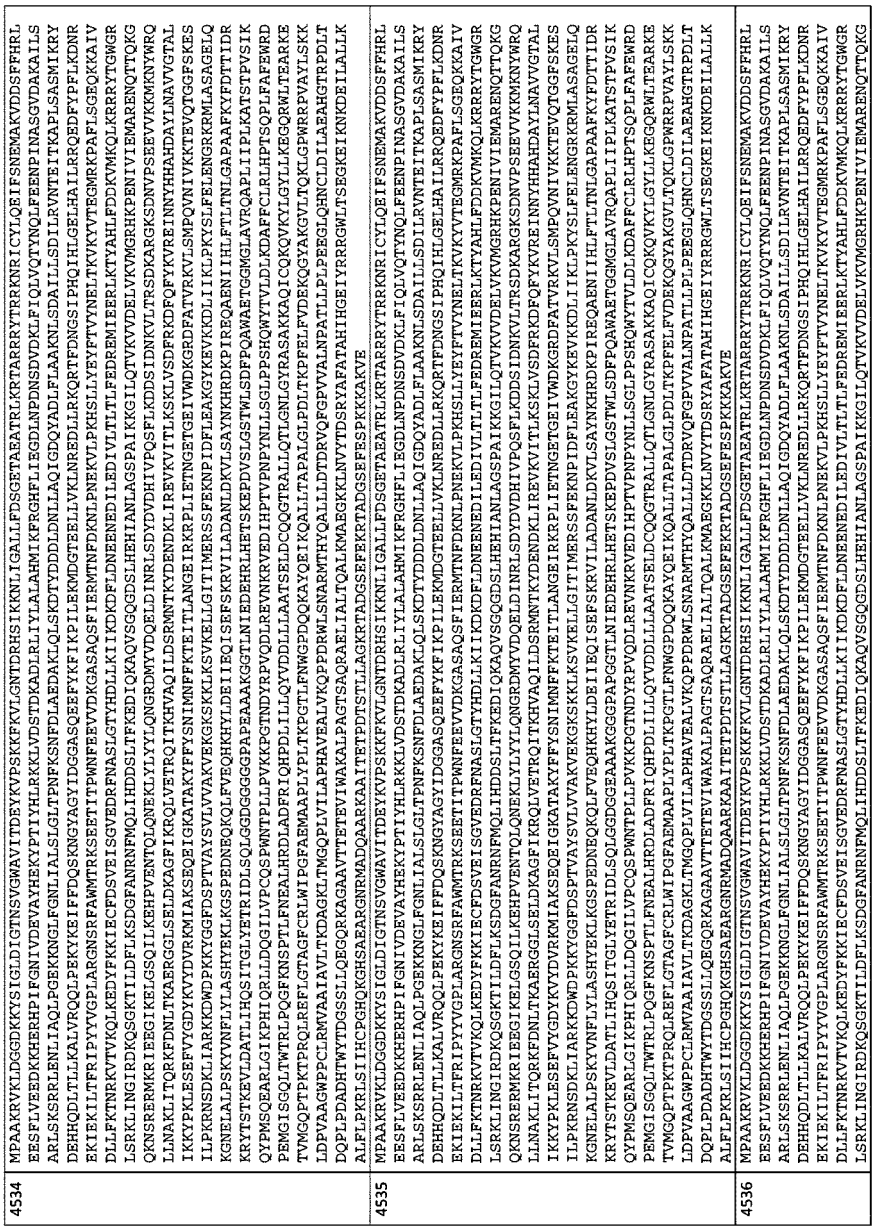
【０９０２】

【表Ａ１－３６０】

| | |
|---|---|
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKGGGGSSSGGVLNLEEEYRLHEKPVPSSTDPGWLQLFPTVWAERAGMGLANQVPPVVVRLRSGASPVAVRQY |
| | PMSKEAREGIRPHIQRFLDLGVLVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREINKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSHTWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPE |
| | KGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAPFRAINPQVVLLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTQKLLQELSKLGYRVSAKKAQLCQKEVTYLGYLLKEGKRWLTPARKATV |
| | MKIPPPTTPRQVREFLGKAGFCRLFIPGFASLAAPLYPLTKPSIPFIWTEHQKAFDRIKEALLSAPALALPDLTKPFTLYVDERAGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLD |
| | PVASGWPTCLKAVAAVALLLKDADKLTLGQNVTVIASHSLESIVRQPPDRDWTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAVLNPATLLPVESEATPVHRCSEILAEETGTRRDLKDQ |
| | PLPGVPAWYTDGSSFIAEGKRRAGAAIVDGKRTVWASSLPEGTSAQKAELVALTQALRLAEGKDINIYTDSRYAFATAHIHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIH |
| | LPKRVAIIHCPGHQKGNDPVATGNRRADEAAKQAALSTRVLAETTKPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4532 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGGPAPGGTLQLDDEYRLVSPLVKPPDQNIQFWLEQFPQAWAETAGMGLAKQVPPQVIQLKASATPVSVRQYP |
| | LSKEAQEGIRPHVQRLIQQGILVPVQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLCALPPQRSWTTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDPGT |
| | GRTGQLTWTRLPQGFKNSPTIFNEALHRDLANFRIQHPQVTLLQYVDDLLLAGATKQDCLEGTKALLLELSDLGYRASAKKAQICREVTYLGYSLRDGQRWLTEARKKTVV |
| | QIPAPTTAKQVREFLGTAGFCRLWIPGFATLAAPLYPLTKPKGEFSWAPEHQKAFDAIKKALLSAPALALPDVTKPFTLYVDERKGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDP |
| | VASGWPVCLKAIAAVAILVKDADKLTLGQNITVIAPHALENIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLTERVTPAPPAALNPATLLPEETDEPVTHDCHQLLIEETGVRKDLTDIP |
| | LTGEVLTWFTDGSSVVVEGKRMAGAAVVDGTRTIWASSLPEGTSAQKAELMALTQALRLAEGKSINIYTDSRYAFATAHVHGAIYKQRGWLTSAGREIKNKEEILSLLEALH |
| | LPKRLAIIHCPGHQKADPISRGNQMADRVAKQAAQGVNLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4533 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDQ |
| | PIPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKRLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKSEIILALLKAL |
| | FLPKRLSIIHCLGHQKGDSAEARGNRLADQAAREAAIKTPPDTSTLLAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |

【０９０３】

【表Ａ１－３６１】



| | |
|---|---|
| 4534 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4535 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHADAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGPAPEAAAKGGTLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK<br>QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD<br>PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDFVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLT<br>DQPLPDADHTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETEVIWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAEARGNRMADQAARKAAITETPDTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4536 | MPAAKRVKLDGDDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |

【０９０４】

【表Ａ１－３６２】

| | |
|---|---|
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | PBMGISQQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLAGFRIQHPDDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE |
| | TVMGQPIPKTPRQLREFLGKAGFCRLFIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAFQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK |
| | LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILAEAHGTRSDLM |
| | DQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLK |
| | ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAAREVATRETPTSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4537 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGEAAAKPAPGGGGGTINIEDEYRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |
| | VWAEKAGMGLANQVPPVVVELKSDASPVAVRQYPMSKEAREGIRPHIQRFLDLGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVQDIHPTVPNPYNLLSSLPPSH |
| | TWYSVLDLKDAFFCLKLHPNSQPLFAFEWRDPEKGNTGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLASFRALNPQVVMLQYVDDLLVAAPTYRDCKEGTRRLLQELSKLGYRVS |
| | AKKAQLCREEVTYLGYLLKGGKRWLTPARKATVMKIPTPTTPRQVREFLGTAGFCRLWIPGFASLAAPLYPLTRPKVPFWTWTEAHQEAFGRIKEALLSAPALALPDLTKPFA |
| | LIVDEKEGVARGVLTQTLGPWRRPVAYLSKKLDPVASGWPTCLKAIAAVALLLKDADKLTLGQNVLVIAPHNLESIVRQPPDRWMTNARMTHYQSLLLNERVSFAPPAILNP |
| | ATLLPVESDDTPIHICSEILABEETGTRPDLRDQPLPGVPAWYTDGSSFIMDGRRQAGAAIVDNKTVWASNLPEGTSAQKAELIALTQALRIAEGKSINIYTDSRYAFATAH |
| | VHGAIYKQRGWLTSAGKDIKNKEEILALLEAIHLPKRVAIIHCPGHQRGTDPVATGNRKADEAAKQAAQSTRILETTTKNAGKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4538 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL |
| | EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS |
| | ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY |
| | DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR |
| | EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV |
| | DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR |
| | LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG |
| | QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ |
| | LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL |
| | IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES |
| | ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ |
| | KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR |
| | KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSEAAAKPAPGGTINIEDEYRLHETSKEPDVPLGSTWLSDFPQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIK |
| | QYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRD |

【０９０５】

【表Ａ１－３６３】

| | |
|---|---|
| | PEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDIADFRIQHPDLILLQYVDDLLIAATSEQDCQRGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKE<br>TVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKK<br>LDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQAMLLDTDRVQFGPVVALNPATLLPLPEKEAPHDCLEILAETHGTRPDLT<br>DQPIPDADYTWYTDGSSFLQEGQRRAGAAVTTETEVIWARALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYAFATAHVHGEIYRRRGWLTSEGREIKNKNEIILALLK<br>ALFLPKRLSIIHCPGHQKGNSAEARGNRMADQAARREAAMKAVLETSTLLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4539 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSPAPEAAAKGGTAPLEEEYRLFLEAPIQNVTLLEQWKREIPKVWAEINPPGIASTQAPIHVQLLSTALPVRVR<br>QYPITLEAKRSLRETIRKFRAAGILRPVHSPWNTPLLPVRKSGTSEYRMVQDLREVNKRVETIHPTVPNPYTLLSLLPPDRIWYSVLDLKDAFFCIPLAPESQLIFAFEWAD<br>AEEGESGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALNRDLQGFRLDHPSVSLLQYVDDLLIAADTQAACLSATRDLLMTLAELGYRVSGKKAQLCQEEVTYLGFKIHKGSRSLSNSRTQ<br>AILQIPVPKTKRQVREFLGKIGYCRLFIPGFAELAQPLYAATRPGNDPLVWGEKEEEAFQSLKLALTQPPALALPSLDKPFQLFVEETSGAAKGVLTQALGPWKRPVAYLSK<br>RLDPVAAGWPRCLRAIAAAALLTRASKLTFGQDIEITSHNLESLLRSPPDKWLTNARITQYQVLLLDPPRVRFKQTAALNPATLLPETDDTLPIHHCLDTLDSLTSTRPD<br>LTDQPLAQAEATLFTDGSSYIRDGKRYAGAAVTTLDSVIWAEPLPIGTSAQKAELIALTKALEWSKDKSVNIYTDSRYAFATLHVHGMIYRERGWLTAGGKAIKNAPEILAL<br>LTAVWLPKRVAVMHCKGHQKDDAPTSTGNRRADEVARERVAIRPLSTQATISAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE |
| 4540 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYTDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLNIEDEYRLHETSKGPDVPLGSTWLS<br>DFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIKQYPMSQEARLGIKPHIQRLLDQGILVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNPYNLLSGL<br>PPSHQWTVVLDLKDAFFCLRLHPTSQSLFAFEWRDPEMGISGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDLLLAATSELDCQQGTRALLQTLGDLG<br>YRASAKKAQICQKQVKYLGYLLKEGQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKPGTLFEWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLT<br>KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKLGPWRRPVAYLSKKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFGPI<br>VALNPATLLPLPEEGLQHDCLDILARAHGTRPDLTDQPLPDADHTWYTDGSSFLQEGQRKAGAAVTTETEVVWAKALPAGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLNVYTDSRYA<br>FATAHIHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGNRAEARGNRMADQAARERVATRETPETSTLLAGKRTADGSEFESPKKKA<br>KVE |

【０９０６】

【表Ａ１－３６４】

| | |
|---|---|
| 4541 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRL<br>EESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILS<br>ARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNR<br>EKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIV<br>DLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGR<br>LSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKG<br>QKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQ<br>LLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTAL<br>IKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKES<br>ILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQ<br>KGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDR<br>KRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGADAAAKEAAAKEAAAKKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKAGGIPWLMKKPLQLTTLVPLQEYEERLLKQ<br>TMLTGSYKEKLQSLFLKYDALWQHWENQVGHRRIKPHHIATGTVNPRPQKQYPINPKAKASIQTVINDLLKQGVLIQQNSIMNTPVVPVPKPDGKWRMVLDYREVNKTIPLI<br>AAQNQHSAGILSSIFRGKVKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLNA<br>GYVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYIYTWTTDNSQQLQNIISMLNSAENLEER<br>NPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEPAKRPIMYLNYVYTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMGQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPIRWITWMSYLEDPRIQFH<br>YDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFVTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVEFACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAES<br>VNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSEFEPSPKKKAKVE |

【０９０７】

遺伝子組換えシステムのための局在化配列

特定の実施形態では、遺伝子エディターシステムＲＮＡは、細胞内局在化配列、例えば、核局在化配列（ＮＬＳ）を更に含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、配列番号４０００及び／若しくは配列番号４００１に含まれるＮＬＳ、又はそれと少なくとも７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を有するＮＬＳを含む。

【０９０８】

核局在化配列は、ＲＮＡの核への入力を促進するＲＮＡ配列であり得る。特定の実施形態では、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡ上に位置する。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第１のＲＮＡ上にコードされ、鋳型ＲＮＡは、第２の別のＲＮＡであり、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡ上に位置し、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡ上に位置しない。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡは、その翻訳を促進するため、主に細胞質に標的化される一方、鋳型ＲＮＡは、ゲノム中に挿入を促進するため、主に核に標的化される。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡの３’末端、５’末

端、又は内部領域内に存在する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、異種配列の３’である（例えば、直接的に異種配列の３’である）、又は異種配列の５’である（例えば、直接的に異種配列の５’である）。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、鋳型ＲＮＡの５’ＵＴＲの外側又は３’ＵＴＲの外側に配置される。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、５’ＵＴＲと３’ＵＴＲとの間に配置され、任意選択で、核局在化シグナルは、導入遺伝子によって転写されない（例えば、核局在化シグナルは、アンチセンス方向性であるか、又は転写終結シグナル若しくはポリアデニル化シグナルの下流である）。一部の実施形態では、核局在化配列は、イントロンの内部に位置する。一部の実施形態では、複数の同じ又は異なる核局在化シグナルは、ＲＮＡ中、例えば、鋳型ＲＮＡ中に存在する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、５ｂｐ、１０ｂｐ、２５ｂｐ、５０ｂｐ、７５ｂｐ、１００ｂｐ、１５０ｂｐ、２００ｂｐ、２５０ｂｐ、３００ｂｐ、３５０ｂｐ、４００ｂｐ、４５０ｂｐ、５００ｂｐ、６００ｂｐ、７００ｂｐ、８００ｂｐ、９００ｂｐ又は１０００ｂｐ未満の長さである。様々なＲＮＡ核局在化配列が使用可能である。例えば、Ｌｕｂｅｌｓｋｙ ａｎｄ Ｕｌｉｔｓｋｙ，Ｎａｔｕｒｅ ５５５（１０７－１１１），２０１８は、ＲＮＡの核内への局在化を駆動するＲＮＡ配列について記載している。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＳＩＮＥ由来の核ＲＮＡ局在化（ＳＩＲＬＯＩＮ）シグナルである。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、核濃縮タンパク質に結合する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＨＮＲＮＰＫタンパク質に結合する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ピリミジン中に豊富に存在し、例えば、Ｃ／Ｔリッチ、Ｃ／Ｕリッチ、Ｃリッチ、Ｔリッチ、又はＵリッチ領域である。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、長鎖非翻訳ＲＮＡに由来する。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＭＡＬＡＴ１長鎖非翻訳ＲＮＡに由来する、又はＭＡＬＡＴ１の６００ヌクレオチドのＭ領域である（Ｍｉｙａｇａｗａ ｅｔ ａｌ．，ＲＮＡ１８，（７３８－７５１），２０１２に記載されている）。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、ＢＯＲＧ長鎖非翻訳ＲＮＡに由来する、又はＡＧＣＣＣモチーフである（Ｚｈａｎｇ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ ａｎｄ Ｃｅｌｌｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ ３４，２３１８－２３２９（２０１４）に記載されている。一部の実施形態では、核局在化配列は、Ｓｈｕｋｌａ ｅｔ ａｌ．，Ｔｈｅ ＥＭＢＯ Ｊｏｕｒｎａｌ ｅ９８４５２（２０１８）に記載されている。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、レトロウイルスに由来する。

【０９０９】

一部の実施形態では、本明細書に記載のポリペプチドは、１つ又は複数の（例えば、２、３、４、５）の核ターゲティング配列、例えば、核局在化配列（ＮＬＳ）を含む。一部の実施形態では、ＮＬＳは、双節型（ｂｉｐａｒｔｉｔｅ）ＮＬＳである。一部の実施形態では、ＮＬＳは、ＮＬＳを含むタンパク質の細胞核への入力を促進する。一部の実施形態では、ＮＬＳは、本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチドのＮ末端と融合される。一部の実施形態では、ＮＬＳは、遺伝子組換えポリペプチドのＣ末端と融合される。一部の実施形態では、ＮＬＳは、ＣａｓドメインのＮ末端又はＣ末端と融合される。一部の実施形態では、リンカー配列は、ＮＬＳと、遺伝子組換えポリペプチドの隣接ドメインとの間に配置される。

【０９１０】

一部の実施形態では、ＮＬＳは、アミノ酸配列ＭＤＳＬＬＭＮＲＲＫＦＬＹＱＦＫＮＶＲＷＡＫＧＲＲＥＴＹＬＣ（配列番号５００９）、ＰＫＫＲＫＶＥＧＡＤＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１０）、ＲＫＳＧＫＩＡＡＩＷＫＲＰＲＫＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１１）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１２）、ＫＫＴＥＬＱＴＴＮＡＥＮＫＴＫＫＬ（配列番号５０１３）、又はＫＲＧＩＮＤＲＮＦＷＲＧＥＮＧＲＫＴＲ（配列番号５０１４）、ＫＲＰＡＡＴＫＫＡＧＱＡＫＫＫＫ（配列番号５０１５）、ＰＡＡＫＲＶＫＬＤ（配列番号４６４４）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４６４９）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥ（配列番号４６５０）、ＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４６５１

）、ＡＧＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＡＫＶＥ（配列番号４００１）又はその機能性断片若しくは変異体を含む。例示的なＮＬＳ配列は、ＰＣＴ／欧州特許第２０００／０１１６９０号明細書にも記載されており、その内容は、その例示的な核局在化配列の開示について、参照により本明細書に組み込まれる。一部の実施形態では、ＮＬＳは、表１１に開示のようなアミノ酸配列を含む。この表のＮＬＳは、核への細胞内局在化を改善するため、ポリペプチド中の１つ又は複数の位置におけるポリペプチド中の１つ又は複数のコピー、例えば、Ｎ末端ドメイン内、ペプチドドメイン間、Ｃ末端ドメイン内、又は位置の組合せにおける、ＮＬＳの１、２、３若しくはそれ以上コピーで利用され得る。複数の固有配列は、単一のポリペプチド中で使用され得る。配列は、例えば、塩基性アミノ酸の１つ若しくは２つのストレッチを有する、天然に単節型（ｍｏｎｏｐａｒｔｉｔｅ）又は双節型であり得るか、又はキメラ双節型配列として使用され得る。配列の参照は、細胞内局在化予測アルゴリズムを用いて取り出された配列について、ＳｅｑＮＬＳとして示される場合を除いて、ＵｎｉＰｒｏｔ受入番号に対応する（Ｌｉｎ ｅｔａｌ ＢＭＣ Ｂｉｏｉｎｆｏｒｍａｔ １３：１５７（２０１２）、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。

【０９１１】

【表１１－１】

*表11 遺伝子組換えシステムにおける使用のための例示的な核局在化シグナル*

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| AHFKISGEKRPSTDPGKKAKNPKKKKKKDP | Q76IQ7 | 5223 |
| AHRAKKMSKTHA | P21827 | 5224 |
| ASPEYVNLPINGNG | SeqNLS | 5225 |
| CTKRPRW | O88622, Q86W56, Q9QYM2, O02776 | 5226 |
| DKAKRVSRNKSEKKRR | O15516, Q5RAK8, Q91YB2, Q91YB0, Q8QGQ6, O08785, Q9WVS9, Q6YGZ4 | 5227 |
| EELRLKEELLKGIYA | Q9QY16, Q9UHL0, Q2TBP1, Q9QY15 | 5228 |
| EEQLRRRKNSRLNNTG | G5EFF5 | 5229 |
| EVLKVIRTGKRKKKAWKRMVTKVC | SeqNLS | 5230 |
| HHHHHHHHHHHHQPH | Q63934, G3V7L5, Q12837 | 5231 |
| HKKKHPDASVNFSEFSK | P10103, Q4R844, P12682, B0CM99, A9RA84, Q6YKA4, P09429, P63159, Q08IE6, P63158, Q9YH06, B1MTB0 | 5232 |
| HKRTKK | Q2R2D5 | 5233 |
| IINGRKLKLKKSRRRSSQTSNNSFTSRRS | SeqNLS | 5234 |
| KAEQERRK | Q8LH59 | 5235 |
| KEKRKRREELFIEQKKRK | SeqNLS | 5236 |
| KKGKDEWFSRGKKP | P30999 | 5237 |
| KKGPSVQKRKKT | Q6ZN17 | 5238 |
| KKKTVINDLLHYKKEK | SeqNLS, P32354 | 5239 |
| KKNGGKGKNKPSAKIKK | SeqNLS | 5240 |
| KKPKWDDFKKKKK | Q15397, Q8BKS9, Q562C7 | 5241 |
| KKRKKD | SeqNLS, Q91Z62, Q1A730, Q969P5, Q2KHT6, Q9CPU7 | 5242 |
| KKRRKRRRK | SeqNLS | 5243 |
| KKRRRRARK | Q9UMS6, D4A702, Q91YE8 | 5244 |
| KKSKRGR | Q9UBS0 | 5245 |
| KKSRKRGS | B4FG96 | 5246 |
| KKSTALSRELGKIMRRR | SeqNLS, P32354 | 5247 |
| KKSYQDPEIIAHSRPRK | Q9U7C9 | 5248 |
| KKTGKNRKLKSKRVKTR | Q9Z301, O54943, Q8K3T2 | 5249 |
| KKVSIAGQSGKLWRWKR | Q6YUL8 | 5250 |
| KKYENVVIKRSPRKRGRPRK | SeqNLS | 5251 |
| KNKKRK | SeqNLS | 5252 |
| KPKKKR | SeqNLS | 5253 |
| KRAMKDDSHGNSTSPKRRK | Q0E671 | 5254 |

【０９１２】

【表１１－２】

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| KRANSNLVAAYEKAKKK | P23508 | 5255 |
| KRASEDTTSGSPPKKSSAGPKR | Q9BZZ5, Q5R644 | 5256 |
| KRFKRRWMVRKMKTKK | SeqNLS | 5257 |
| KRGLNSSFETSPKKVK | Q8IV63 | 5258 |
| KRGNSSIGPNDLSKRKQRKK | SeqNLS | 5259 |
| KRIHSVSLSQSQIDPSKKVKRAK | SeqNLS | 5260 |
| KRKGKLKNKGSKRKK | O15381 | 5261 |
| KRRRRRRREKRKR | Q96GM8 | 5262 |
| KRSNDRTYSPEEEKQRRA | Q91ZF2 | 5263 |
| KRTVATNGDASGAHRAKKMSK | SeqNLS | 5264 |
| KRVYNKGEDEQEHLPKGKKR | SeqNLS | 5265 |
| KSGKAPRRRAVSMDNSNK | Q9WVH4, O43524 | 5266 |
| KVNFLDMSLDDIIIYKELE | Q9P127 | 5267 |
| KVQHRIAKKTTRRRR | Q9DXE6 | 5268 |
| LSPSLSPL | Q9Y261, P32182, P35583 | 5269 |
| MDSLLMNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLC | Q9GZX7 | 5270 |
| MPQNEYIELHRKRYGYRLDYHEKKRKKESREAHER SKKAKKMIGLKAKLYHK | SeqNLS | 5271 |
| MVQLRPRASR | SeqNLS | 5272 |
| NNKLLAKRRKGGASPKDDPMDDIK | Q965G5 | 5273 |
| NYKRPMDGTYGPPAKRHEGE | O14497, A2BH40 | 5274 |
| PDTKRAKLDSSETTMVKKK | SeqNLS | 5275 |
| PEKRTKI | SeqNLS | 5276 |
| PGGRGKKK | Q719N1, Q9UBP0, A2VDN5 | 5277 |
| PGKMDKGEHRQERRDRPY | Q01844, Q61545 | 5278 |
| PKKGDKYDKTD | Q45FA5 | 5279 |
| PKKKSRK | O35914, Q01954 | 5280 |
| PKKNKPE | Q22663 | 5281 |
| PKKRAKV | P04295, P89438 | 5282 |
| PKPKKLKVE | P55263, P55262, P55264, Q64640 | 5283 |
| PKRGRGR | Q9FYS5, Q43386 | 5284 |
| PKRRLVDDA | P0C797 | 5285 |
| PKRRRTY | SeqNLS | 5286 |
| PLFKRR | A8X6H4, Q9TXJ0 | 5287 |
| PLRKAKR | Q86WB0, Q5R8V9 | 5288 |
| PPAKRKCIF | Q6AZ28, O75928, Q8C5D8 | 5289 |
| PPARRRRL | Q8NAG6 | 5290 |
| PPKKKRKV | Q3L6L5, P03070, P14999, P03071 | 5291 |
| PPNKRMKVKH | Q8BN78 | 5292 |

【０９１３】

【表１１－３】

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| PPRIYPQLPSAPT | P0C799 | 5293 |
| PQRSPFPKSSVKR | SeqNLS | 5294 |
| PRPRKVPR | P0C799 | 5295 |
| PRRRVQRKR | SeqNLS, Q5R448, Q5TAQ9 | 5296 |
| PRRVRLK | Q58DJ0, P56477, Q13568 | 5297 |
| PSRKRPR | Q62315, Q5F363, Q92833 | 5298 |
| PSSKKRKV | SeqNLS | 5299 |
| PTKKRVK | P07664 | 5300 |
| QRPGPYDRP | SeqNLS | 5301 |
| RGKGGKGLGKGGAKRHRK | SeqNLS | 5302 |
| RKAGKGGGGHKTTKKRSAKDEKVP | B4FG96 | 5303 |
| RKIKLKRAK | A1L3G9 | 5304 |
| RKIKRKRAK | B9X187 | 5305 |
| RKKEAPGPREELRSRGR | O35126, P54258, Q5IS70, P54259 | 5306 |
| RKKRKGK | SeqNLS, Q29243, Q62165, Q28685, O18738, Q9TSZ6, Q14118 | 5307 |
| RKKRRQRRR | P04326, P69697, P69698, P05907, P20879, P04613, P19553, P0C1J9, P20893, P12506, P04612, Q73370, P0C1K0, P05906, P35965, P04609, P04610, P04614, P04608, P05905 | 5308 |
| RKKSIPLSIKNLKRKHKRKKNKITR | Q9C0C9 | 5309 |
| RKLVKPKNTKMKTKLRTNPY | Q14190 | 5310 |
| RKRLILSDKGQLDWKK | SeqNLS, Q91Z62, Q1A730, Q2KHT6, Q9CPU7 | 5311 |
| RKRLKSK | Q13309 | 5312 |
| RKRRVRDNM | Q8QPH4, Q809M7, A8C8X1, Q2VNC5, Q38SQ0, O89749, Q6DNQ9, Q809L9, Q0A429, Q20NV3, P16509, P16505, Q6DNQ5, P16506, Q6XT06, P26118, Q2ICQ2, Q2RCG8, Q0A2D0, Q0A2H9, Q9IQ46, Q809M3, Q6J847, Q6J856, B4URE4, A4GCM7, Q0A440, P26120, P16511, | 5313 |
| RKRSPKDKKEKDLDGAGKRRKT | Q7RTP6 | 5314 |
| RKRTPRVDGQTGENDMNKRRRK | O94851 | 5315 |
| RLPVRRRRRR | P04499, P12541, P03269, P48313, P03270 | 5316 |
| RLRFRKPKSK | P69469 | 5317 |
| RQQRKR | Q14980 | 5318 |
| RRDLNSSFETSPKKVK | Q8K3G5 | 5319 |
| RRDRAKLR | Q9SLB8 | 5320 |
| RRGDGRRR | Q80WE1, Q5R9B4, Q06787, P35922 | 5321 |
| RRGRKRKAEKQ | Q812D1, Q5XXA9, Q99JF8, Q8MJG1, Q66T72, O75475 | 5322 |
| RRKKRR | Q0VD86, Q58DS6, Q5R6G2, Q9ERI5, Q6AYK2, Q6NYC1 | 5323 |
| RRKRSKSEDMDSVESKRRR | Q7TT18 | 5324 |
| RRKRSR | Q99PU7, D3ZHS6, Q92560, A2VDM8 | 5325 |
| RRPKGKTLQKRKPK | Q6ZN17 | 5326 |
| RRRGFERFGPDNMGRKRK | Q63014, Q9DBR0 | 5327 |
| RRRGKNKVAAQNCRK | SeqNLS | 5328 |

【０９１４】

【表１１－４】

| 配列 | 配列参照 | 配列番号 |
|---|---|---|
| RRRKRR | Q5FVH8, Q6MZT1, Q08DH5, Q8BQP9 | 5329 |
| RRRQKQKGGASRRR | SeqNLS | 5330 |
| RRRREGPRARRRR | P08313, P10231 | 5331 |
| RRTIRLKLVYDKCDRSCKIQKKNRNKCQYCRFHKCL SVGMSHNAIRFGRMPRSEKAKLKAE | SeqNLS | 5332 |
| RRVPQRKEVSRCRKCRK | Q5RJN4, Q32L09, Q8CAK3, Q9NUL5 | 5333 |
| RVGGRRQAVECIEDLLNEPGQPLDLSCKRPRP | P03255 | 5334 |
| RVVKLRIAP | P52639, Q8JMN0 | 5335 |
| RVVRRR | P70278 | 5336 |
| SKRKTKISRKTR | Q5RAY1, O00443 | 5337 |
| SYVKTVPNRTRTYIKL | P21935 | 5338 |
| TGKNEAKKRKIA | P52739, Q8K3J5, Q5RAU9 | 5339 |
| TLSPASSPSSVSCPVIPASTDESPGSALNI | SeqNLS | 5340 |
| VSKKQRTGKKIH | P52739, Q8K3J5, Q5RAU9 | 5341 |
| SPKKKRKVE | | 5342 |
| KRTAD GSEFE SPKKKRKVE | | 5343 |
| PAAKRVKLD | | 5344 |
| PKKKRKV | | 5345 |
| MDSLLMNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLC | | 5346 |
| SPKKKRKVEAS | | 5347 |
| MAPKKKRKVGIHRGVP | | 5348 |
| KRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | | 5349 |
| KRTADGSEFE | | 5350 |
| KRTADGSEFESPKKKAKVE | | 5351 |
| AGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE | | 4001 |

【０９１５】

一部の実施形態では、ＮＬＳは、双節型ＮＬＳである。双節型ＮＬＳは、典型的に、スペーサー配列によって隔てられる２つの塩基性アミノ酸クラスター（例えば、約１０アミノ酸長であり得る）を含む。単節型ＮＬＳは、典型的に、スペーサーを欠いている。双節型ＮＬＳの例は、配列ＫＲ［ＰＡＡＴＫＫＡＧＱＡ］ＫＫＫＫ（配列番号５０１５）（括弧内はスペーサー）を有するヌクレオプラスミンＮＬＳである。別の例示的な双節型ＮＬＳは、配列ＰＫＫＫＲＫＶＥＧＡＤＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号５０１６）を有する。例示的なＮＬＳは、国際公開第２０２００５１５６１号パンフレット（核局在化配列に関する開示を含め、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【０９１６】

特定の実施形態では、遺伝子エディターシステムポリペプチド（例えば、本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチド）は、細胞内局在化配列、例えば、核局在化配列及び／又は核小体局在化配列を更に含む。核局在化配列及び／又は核小体局在化配列は、そのタンパク質の核及び／又は核小体への入力を促進するアミノ酸配列であり得、ここで、それは、異種配列のゲノムへの組み込みを促進し得る。特定の実施形態では、遺伝子エディターシステムポリペプチド（例えば、例として本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチド）は、核小体局在化配列を更に含む。特定の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、第１のＲＮＡ上にコードされ、鋳型ＲＮＡは、第２の分かれたＲＮＡであり、核小体局在化シグナルは、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＲＮＡ上にコードされ、鋳型ＲＮＡ上にコードされない。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ポリペプチドのＮ末端、Ｃ末端、又は内部領域内に位置する。一部の実施形態では、複数の同じ又は異なる核小体局在化シグナルが使用される。一部の実施形態では、核局在化シグナルは、５、１０、２５、５０、７５又は１００アミノ酸長未満である。様々なポリペプチドの核小体局在化シグナルが使用可能である。例えば、Ｙａｎｇ　ｅｔ　ａｌ．，Ｊｏｕｒｎａｌ　ｏｆ　Ｂｉｏｍｅｄｉｃａｌ　Ｓｃｉｅｎｃｅ　２２，３３（２０１５）は、核小体局在

化シグナルとしても機能する核局在化シグナルについての記載がある。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核局在化シグナルでもあり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核局在化シグナルと重複し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、塩基性残基のストレッチを含み得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、アルギニン及びリジン残基中に豊富であり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核小体中に豊富に存在するタンパク質に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、リボソームＲＮＡ遺伝子座に豊富に存在するタンパク質に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ｒＲＮＡに結合するタンパク質に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ＭＳＰ５８に由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、単節型モチーフであり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、双節型モチーフであり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、複数の単節型又は双節型モチーフからなり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、単節型及び双節型モチーフの混合物からなり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、二重の双節型モチーフであり得る。一部の実施形態では、核小体局在化モチーフは、ＫＲＡＳＳＱＡＬＧＴＩＰＫＲＲＳＳＳＲＦＩＫＲＫＫ（配列番号５０１７）であり得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、核内因子κＢ誘導キナーゼに由来し得る。一部の実施形態では、核小体局在化シグナルは、ＲＫＫＲＫＫＫモチーフ（配列番号５０１８）であり得る（Ｂｉｒｂａｃｈ ｅｔ ａｌ．，Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｃｅｌｌ Ｓｃｉｅｎｃｅ，１１７（３６１５－３６２４），２００４に記載されている）。

【０９１７】

遺伝子組換えポリペプチド及びシステムの進化型変異体

一部の実施形態では、本発明は、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドの進化型変異体を提供する。進化型変異体は、一部の実施形態では、参照遺伝子組換えポリペプチド又はそこに含まれる断片若しくはドメインの１つを突然変異誘発させることにより生産することができる。一部の実施形態では、ドメイン（例えば、逆転写酵素ドメイン）の１つ又は複数が進化する。こうした進化型変異体ドメインの１つ又は複数は、一部の実施形態では、単独で、又は他のドメインと一緒に進化し得る。１つ又は複数の進化型変異体ドメインは、一部の実施形態では、非進化型コグネイト成分又はコグネイト成分の進化型変異体（例えば、平行若しくは連続様式で進化した可能性のあるもの）と組み合わされ得る。

【０９１８】

一部の実施形態では、参照遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメインを突然変異誘発させるプロセスは、参照遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメインを突然変異誘発させることを含む。複数の実施形態では、突然変異誘発は、例えば、本明細書に記載されるように、漸進的進化方法（例えば、ＰＡＣＥ）又は非漸進的進化方法（例えば、ＰＡＮＣＥ）を含む。一部の実施形態では、進化型遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメインは、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列又はその断片若しくはドメインと比較して、そのアミノ酸配列に導入された１つ若しくは複数のアミノ酸変異を含む。複数の実施形態では、アミノ酸配列変異は、例として、例えば、コード配列内のいずれか特定の位置のコドンの変化を招く遺伝子組換えポリペプチドをコードするヌクレオチド配列の変化、１つ若しくは複数のアミノ酸の欠失（例えば、短縮タンパク質）、１つ若しくは複数のアミノ酸の挿入、又はそれらの任意の組合せの結果として、参照遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列内に１つ若しくは複数の変異残基（例えば、保存的置換、非保存的置換、又はそれらの組合せ）を含み得る。進化型変異体遺伝子組換えポリペプチドは、遺伝子組換えポリペプチドの１つ又は複数の成分又はドメインにおける変異体（例えば、逆転写酵素ドメインに導入された変異体）を含み得る。

【０９１９】

いくつかの態様では、本開示は、遺伝子組換えポリペプチドの進化型変異体を用いる、又はそれを含む遺伝子組換えポリペプチド、システム、キット、及び方法を提供し、例え

ば、遺伝子組換えポリペプチドの進化型変異体、又はＰＡＣＥ若しくはＰＡＮＣＥにより生産若しくは生産可能な遺伝子組換えポリペプチドを使用する。複数の実施形態では、非進化型参照遺伝子組換えポリペプチドは、本明細書に開示される遺伝子組換えポリペプチドである。

【０９２０】

「ファージ支援連続進化（ＰＡＣＥ）」という用語は、本明細書で使用される場合、一般に、ウイルスベクターとしてファージを使用する漸進的進化を指す。ＰＡＣＥ技術の例は、例えば、２００９年９月８日に出願され、２０１０年３月１１日に国際公開第２０１０／０２８３４７号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願番号ＰＣＴ／ＵＳ２００９／０５６１９４号明細書；２０１１年１２月２２日に出願され、２０１２年６月２８日に国際公開第２０１２／０８８３８１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１１／０６６７４７号明細書；２０１５年５月５日に発行された米国特許第９，０２３，５９４号明細書；２０１７年９月２６日に発行された米国特許第９，７７１，５７４号明細書；２０１６年７月１９日に発行された米国特許第９，３９４，５３７号明細書；２０１５年１月２０日に出願され、２０１５年９月１１日に国際公開第２０１５／１３４１２１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１５／０１２０２２号明細書；２０１９年１月１５日に発行された米国特許第１０，１７９，９１１号明細書；及び２０１６年４月１５日に出願され、２０１６年１０月２０日に国際公開第２０１６／１６８６３１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１６／０２７７９５号明細書に記載されており、これらは各々、その全体が、参照により本明細書に組み込まれる。

【０９２１】

「ファージ支援型非漸進的進化（ＰＡＮＣＥ）」という用語は、本明細書で使用される場合、一般に、ウイルスベクターとしてファージを使用する非漸進的進化を指す。ＰＡＮＣＥ技術の例は、例えば、Ｓｕｚｕｋｉ Ｔ．ｅｔ ａｌ，Ｃｒｙｓｔａｌ ｓｔｒｕｃｔｕｒｅｓ ｒｅｖｅａｌ ａｎ ｅｌｕｓｉｖｅ ｆｕｎｃｔｉｏｎａｌ ｄｏｍａｉｎ ｏｆ ｐｙｒｒｏｌｙｓｙｌ－ｔＲＮＡ ｓｙｎｔｈｅｔａｓｅ，Ｎａｔ Ｃｈｅｍ Ｂｉｏｌ．１３（１２）：１２６１－１２６６（２０１７）に記載されており、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。簡潔に述べると、ＰＡＮＣＥは、新鮮な宿主細胞（例えば、大腸菌（Ｅ．ｃｏｌｉ）細胞）全体に、進化させようとする目的の遺伝子を含有する、進化選択ファージ（ＳＰ）の連続フラスコ移入を用いる迅速なインビボ指向性進化のための技術である。ＳＰに含まれる遺伝子が漸進的に進化する間、宿主細胞内部の遺伝子を一定に保持することができる。ファージ増殖の後、感染した細胞のアリコートを用いて、宿主大腸菌（Ｅ．ｃｏｌｉ）を含有する次のフラスコをトランスフェクトすることができる。このプロセスは、所望の表現型が、例えば、所望されるだけの数の移入について進化するまで、反復及び／又は継続することができる。

【０９２２】

ＰＡＣＥ及びＰＡＮＣＥを遺伝子組換えポリペプチドに適用する方法は、とりわけ、前述の参照文献を参照することにより、当業者により容易に理解されるであろう。例えば、ファージ粒子を用いて、例えば、宿主細胞の集団中に、ゲノム修飾タンパク質若しくはシステムの漸進的進化を指令するための更なる例示的な方法を適用して、遺伝子組換えポリペプチド又はその断片又は若しくはサブドメインの進化型変異体を作製することができる。こうした方法の非限定的な例は、２００９年９月８日に出願され、２０１０年３月１１日に国際公開第２０１０／０２８３４７号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２００９／０５６１９４号明細書；２０１１年１２月２２日に出願され、２０１２年６月２８日に国際公開第２０１２／０８８３８１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１１／０６６７４７号明細書；２０１５年５月５日に発行された米国特許第９，０２３，５９４号明細書；２０１７年９月２６日に発行された米国特許第９，７７１，５７４号明細書；２０１６年７月１９日に発行された米国特許第９，３９４，５３７号明細書；２０１５年１月２０日に出願され、２０１５年９

月１１日に国際公開第２０１５／１３４１２１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１５／０１２０２２号明細書；２０１９年１月１５日に発行された米国特許第１０，１７９，９１１号明細書；２０１９年６月１４日に出願され、２０１９年１月３１日に国際公開第２０１９／０２３６８０号パンフレットとして公開された、国際特許出願番号ＰＣＴ／ＵＳ２０１９／３７２１６号明細書、２０１６年４月１５日に出願され、２０１６年１０月２０日に国際公開第２０１６／１６８６３１号パンフレットとして公開された、国際ＰＣＴ出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１６／０２７７９５号明細書並びに２０１９年８月２３日に出願された国際出願、ＰＣＴ／ＵＳ２０１９／４７９９６号明細書に記載されており、これらは各々、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【０９２３】

いくつかの非限定的な例示的実施形態では、進化型変異体遺伝子組換えポリペプチド、その断片若しくはドメインの進化方法は、（ａ）宿主細胞の集団を、目的の遺伝子を含むウイルスベクターの集団（出発遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメイン）と接触させるステップを含み、ここで、（１）宿主細胞は、ウイルスベクターによる感染に適しており；（２）宿主細胞は、ウイルス粒子の産生に必要なウイルス遺伝子を発現し；（３）感染性ウイルス粒子の産生に必要な少なくとも１つのウイルス遺伝子の発現が、目的の遺伝子の機能に依存しており；及び／又は（４）ウイルスベクターは、宿主細胞でのタンパク質の発現を可能にし、且つ宿主細胞により複製されて、ウイルス粒子中にパッケージングされ得る。一部の実施形態では、本方法は、（ｂ）変異速度を高める（例えば、変異プラスミド又は何らかのゲノム修飾－例えば、損傷ＤＮＡプルーフリーディングポリメラーゼ、ＳＯＳ遺伝子、例えば、ＵｍｕＣ、ＵｍｕＤ’及び／若しくはＲｅｃＡ（それらの突然変異は、プラスミドと結合すると、誘導性プロモータの制御下となり得る）を輸送することにより又はそれらの組合せで）突然変異を含む宿主細胞を用いて、変異原と宿主細胞を接触させることを含む。一部の実施形態では、本方法は、（ｃ）ウイルス複製及びウイルス粒子の産生を可能にする条件下で、宿主細胞の集団をインキュベートすることを含み、ここで、宿主細胞を、宿主細胞集団から除去し、新鮮で、非感染の宿主細胞を、宿主細胞の集団に導入し、このようにして、宿主細胞の集団を補給すると共に、宿主細胞の流れを形成する。一部の実施形態では、目的の遺伝子が突然変異を取得するのを可能にする条件下で細胞をインキュベートする。一部の実施形態では、本方法は、（ｄ）宿主細胞の集団から、進化した遺伝子産物（例えば、進化型変異体遺伝子組換えポリペプチド又はその断片若しくはドメイン）をコードするウイルスベクターの変異バージョンを単離することを更に含む。

【０９２４】

当業者は、前述した枠組み内で使用可能な種々の特徴を理解するであろう。例えば、一部の実施形態では、ウイルスベクター又はファージは、繊維状ファージ、例えば、Ｍ１３ファージ、例えば、Ｍ１３選択ファージである。特定の実施形態では、感染性ウイルス粒子の産生に必要な遺伝子は、Ｍ１３遺伝子ＩＩＩ（ｇＩＩＩ）である。複数の実施形態では、ファージは、機能性ｇＩＩＩを欠失している場合があるが、代わりにｇＩ、ｇＩＩ、ｇＩＶ、ｇＶ、ｇＶＩ、ｇＶＩＩ、ｇＶＩＩＩ、ｇＩＸ、及びｇＸを含む。一部の実施形態では、感染性ＶＳＶ粒子の世代は、エンベロープタンパク質ＶＳＶ－Ｇを含む。様々な実施形態で、異なるレトロウイルスベクター、例えば、マウス白血病ウイルス（Ｍｕｒｉｎｅ　Ｌｅｕｋｅｍｉａ　Ｖｉｒｕｓ）ベクター、又はレンチウイルス（Ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ）ベクターが使用され得る。複数の実施形態では、レトロウイルスベクターは、例えば、ウイルスのネイティブエンベロープタンパク質の代替物としてＶＳＶ－Ｇエンベロープタンパク質を用いて、効率的にパッケージングすることができる。

【０９２５】

一部の実施形態では、宿主細胞は、好適な数のウイルス生活環、例えば、少なくとも１０、少なくとも２０、少なくとも３０、少なくとも４０、少なくとも５０、少なくとも１００、少なくとも２００、少なくとも３００、少なくとも４００、少なくとも、５００、

少なくとも６００、少なくとも７００、少なくとも８００、少なくとも９００、少なくとも１０００、少なくとも１２５０、少なくとも１５００、少なくとも１７５０、少なくとも２０００、少なくとも２５００、少なくとも３０００、少なくとも４０００、少なくとも５０００、少なくとも７５００、少なくとも１００００、又はそれ以上の連続したウイルス生活環に応じてインキュベートされ、ここで、Ｍ１３ファージの例示的且つ非限定的な例は、ウイルス生活環毎に１０～２０分である。同様に、宿主細胞が、宿主細胞の集団中に滞留する時間（例えば、約１０、約１１、約１２、約１３、約１４、約１５、約１６、約１７、約１８、約１９、約２０、約２１、約２２、約２３、約２４、約２５、約３０、約３５、約４０、約４５、約５０、約５５、約６０、約７０、約８０、約９０、約１００、約１２０、約１５０、又は約１８０分）を調整するために、条件を調節することができる。宿主細胞集団は、宿主細胞の密度、又は一部の実施形態では、流入中の宿主細胞密度、例えば、$10^3$個の細胞／ｍｌ、約$10^4$個の細胞／ｍｌ、約$10^5$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^5$個の細胞／ｍｌ、約$10^6$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^6$個の細胞／ｍｌ、約$10^7$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^7$個の細胞／ｍｌ、約$10^8$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^8$個の細胞／ｍｌ、約$10^9$個の細胞／ｍｌ、約５～$10^9$個の細胞／ｍｌ、約$10^{10}$個の細胞／ｍｌ、又は約５～$10^{10}$個の細胞／ｍｌにより、一部を制御することができる。

【０９２６】

インテイン

一部の実施形態では、以下により詳細に記載されるように、インテイン－Ｎ（ｉｎｔＮ）ドメインは、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドの第１ドメインのＮ末端部分に融合され得、インテイン－Ｃ（ｉｎｔＣ）ドメインは、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチドの第２のドメインのＣ末端部分に融合されて、Ｎ末端部分をＣ末端部分に連結し、それにより、第１ドメインと第２のドメインを連結し得る。一部の実施形態では、第１及び第２のドメインは、各々独立して、ＤＮＡ結合ドメイン、ＲＮＡ結合ドメイン、ＲＴドメイン、及びエンドヌクレアーゼドメインから選択される。

【０９２７】

インテインは、例えば、フランキングするＮ末端及びＣ末端エクステイン（例えば、連結しようとする断片）を連結する、自己スプライシングタンパク質イントロン（例えば、ペプチド）として存在し得る。インテインは、いくつかの事例では、自動的に切除されて、タンパク質スプライシングとして知られるプロセスで、残りの断片（エクステイン）をペプチド結合と連結させることができるタンパク質の断片を含み得る。インテインは、「タンパク質イントロン」とも呼ばれる。自動的に切除されて、タンパク質の残り部分を連結させるインテインのプロセスは、本明細書において、「タンパク質スプライシング」又は「インテイン媒介性タンパク質スプライシング」と呼ばれる。

【０９２８】

一部の実施形態では、前駆体タンパク質（インテイン媒介性タンパク質スプライシング前のインテイン含有タンパク質）のインテインは、２つの遺伝子に由来する。こうしたインテインは、本明細書において、スプリットインテイン（例えば、スプリットインテイン－Ｎ及びスプリットインテイン－Ｃ）と呼ばれる。従って、インテインベースの手法が、第１のポリペプチド配列及び第２のポリペプチド配列を一緒に連結するのに使用され得る。例えば、シアノバクテリア（ｃｙａｎｏｂａｃｔｅｒｉａ）では、ＤＮＡポリメラーゼＩＩＩの触媒サブユニットであるＤｎａＥは、２つの個別の遺伝子、ｄｎａＥ－ｎ及びｄｎａＥ－ｃによってコードされる。ｄｎａＥ－ｎ遺伝子によってコードされるものなどのインテイン－Ｎドメインは、第１のポリペプチド配列の一部として位置する場合、第１のポリペプチド配列を第２のポリペプチド配列と連結し得、ここで、第２のポリペプチド配列は、ｄｎａＥ－ｃ遺伝子によってコードされるものなどのインテイン－Ｃドメインを含む。従って、一部の実施形態では、タンパク質は、第１及び第２のポリペプチド配列をコードする核酸（例えば、第１の核酸分子は、第１のポリペプチド配列をコードし、第２の核酸分子は、第２のポリペプチド配列をコードする）を提供することによって作製され得

、核酸は、第１及び第２のポリペプチド配列の生成、及びインテインベースの機構を介した、第１のポリペプチド配列の、第２のポリペプチド配列への連結を可能にする条件下で細胞内に導入される。

【０９２９】

異種タンパク質断片を連結するためのインテインの使用は、例えば、Ｗｏｏｄ ｅｔ ａｌ．，Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．２８９（２１）；１４５１２－９（２０１４）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。例えば、個別のタンパク質断片に融合されると、インテインＩｎｔＮ及びＩｎｔＣは、互いを認識し、それ自体からスプライシングして、且つ／又は同時に、それらが融合されているタンパク質断片のフランキングするＮ－及びＣ末端エクステインを連結し、それにより、２つのタンパク質断片から完全長タンパク質を再構成することができる。

【０９３０】

一部の実施形態では、ｄｎａＥインテイン、Ｃｆａ－Ｎ（例えば、スプリットインテイン－Ｎ）及びＣｆａ－Ｃ（例えば、スプリットインテイン－Ｃ）インテイン対に基づく合成インテインを使用する。こうしたインテインの例は、例えば、Ｓｔｅｖｅｎｓ ｅｔ ａｌ．，Ｊ Ａｍ Ｃｈｅｍ Ｓｏｃ．２０１６ Ｆｅｂ．２４；１３８（７）：２１６２－５（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。本開示に従って使用することができるインテイン対の非限定的な例として、Ｃｆａ ＤｎａＥインテイン、Ｓｓｐ ＧｙｒＢインテイン、Ｓｓｐ ＤｎａＸインテイン、Ｔｅｒ ＤｎａＥ３インテイン、Ｔｅｒ ＴｈｙＸインテイン、Ｒｍａ ＤｎａＢインテイン及びＣｎｅ Ｐｒｐ８インテイン（例えば、参照により本明細書に組み込まれる米国特許第８，３９４，６０４号明細書に記載されるような）が挙げられる。

【０９３１】

スプリットＣａｓ９に関わる一部の実施形態では、インテイン－Ｎドメイン及びインテイン－Ｃドメインは、スプリットＣａｓ９のＮ末端部分とスプリットＣａｓ９のＣ末端部分との連結のために、スプリットＣａｓ９のＮ末端部分及びスプリットＣａｓ９のＣ末端部分にそれぞれ融合し得る。例えば、一部の実施形態では、インテイン－Ｎを、スプリットＣａｓ９のＮ末端部分のＣ末端に融合させ、すなわち、Ｎ－［スプリットＣａｓ９のＮ末端部分］－［インテイン－Ｎ］－Ｃの構造を形成する。一部の実施形態では、インテイン－ＣをスプリットＣａｓ９のＣ末端部分のＮ末端に融合させ、すなわち、Ｎ－［インテイン－Ｃ］－［スプリットＣａｓ９のＣ末端部分］－Ｃの構造を形成する。インテインが連結したタンパク質（例えば、スプリットＣａｓ９）を連結させるためのインテイン媒介性タンパク質スプライシングの機構は、Ｓｈａｈ ｅｔ ａｌ．，Ｃｈｅｍ Ｓｃｉ．２０１４；５（ｌ）：４４６－４６ｌ（参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。インテインを設計及び使用する方法は、当技術分野において公知であり、例えば、国際公開第２０２００５１５６１号パンフレット、国際公開第２０１４００４３３６号パンフレット、国際公開第２０１７１３２５８０号パンフレット、米国特許出願公開第２０１５０３４４５４９号明細書、及び米国特許出願公開第２０１８０１２７７８０号明細書（それらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【０９３２】

一部の実施形態では、スプリットは、２つ以上の断片への分割を指す。一部の実施形態では、スプリットＣａｓ９タンパク質又はスプリットＣａｓ９は、２つの個別のヌクレオチド配列によりコードされるＮ末端断片及びＣ末端断片として提供されるＣａｓ９タンパク質を含む。Ｃａｓ９タンパク質のＮ末端部分及びＣ末端部分に対応するポリペプチドはスプライシングされて、再構成Ｃａｓ９タンパク質を形成し得る。実施形態では、Ｃａｓ９タンパク質は、例えば、Ｎｉｓｈｉｍａｓｕ ｅｔ ａｌ．，Ｃｅｌｌ，Ｖｏｌｕｍｅ １５６，Ｉｓｓｕｅ ５，ｐｐ．９３５－９４９，２０１４に記載されているか、又はＪｉａｎｇ ｅｔ ａｌ．（２０１６）Ｓｃｉｅｎｃｅ ３５１：８６７－８７１及びＰＤＢ ｆｉｌｅ：５Ｆ９Ｒに記載されている（それらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）ように、タンパク質の変性領域内で２つの断片に分割される。変性

領域は、当技術分野で公知の１つ又は複数のタンパク質構造決定技術により決定することができ、そうしたものとして、限定はしないが、Ｘ線結晶構造解析、ＮＭＲ分光法、電子顕微鏡法（例えば、ｃｒｙｏＥＭ）、及び／又はインシリコタンパク質モデル化が挙げられる。一部の実施形態では、タンパク質は、例えば、アミノ酸Ａ２９２－Ｇ３６４、Ｆ４４５－Ｋ４８３若しくはＥ５６５－Ｔ６３７間のＳｐＣａｓ９の領域内の任意のＣ、Ｔ、Ａ若しくはＳ又はいずれか他のＣａｓ９、Ｃａｓ９変異体（例えば、ｎＣａｓ９、ｄＣａｓ９）或いは他のｎａｐＤＮＡｂｐ内の対応する位置で２つの断片に分割される。一部の実施形態では、タンパク質は、ＳｐＣａｓ９　Ｔ３１０、Ｔ３１３、Ａ４５６、Ｓ４６９、又はＣ５７４で２つの断片に分割される。一部の実施形態では、タンパク質を２つの断片に分割するプロセスは、タンパク質の分断と呼ばれる。

【０９３３】

一部の実施形態では、タンパク質断片は、長さが約２～１０００アミノ酸（例えば、２～１０、１０～５０、５０～１００、１００～２００、２００～３００、３００～４００、４００～５００、５００～６００、６００～７００、７００～８００、８００～９００又は９００～１０００アミノ酸）の範囲である。一部の実施形態では、タンパク質断片は、長さが約５～５００アミノ酸（例えば、５～１０、１０～５０、５０～１００、１００～２００、２００～３００、３００～４００又は４００～５００アミノ酸）の範囲である。一部の実施形態では、タンパク質断片は、長さが約２０～２００アミノ酸（例えば、２０～３０、３０～４０、４０～５０、５０～１００又は１００～２００アミノ酸）の範囲である。

【０９３４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドの部分又は断片をインテインと融合させる。ヌクレアーゼをインテインのＮ末端又はＣ末端と融合させることができる。一部の実施形態では、融合タンパク質の部分又は断片をインテインと融合させると共に、ＡＡＶカプシドタンパク質と融合させる。インテイン、ヌクレアーゼ及びカプシドタンパク質を、任意の配置（例えば、ヌクレアーゼ－インテイン－カプシド、インテイン－ヌクレアーゼ－カプシド、カプシド－インテイン－ヌクレアーゼなど）で一緒に融合させることができる。一部の実施形態では、インテインのＮ末端を融合タンパク質のＣ末端と融合させ、インテインのＣ末端をＡＡＶカプシドタンパク質のＮ末端と融合させる。

【０９３５】

一部の実施形態では、エンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼＣａｓ９ドメイン）がインテイン－Ｎに融合され、ＲＴドメインを含むポリペプチドがインテイン－Ｃに融合される。

【０９３６】

インテイン－Ｎドメイン及び同等のインテイン－Ｃドメインの例示的なヌクレオチド及びアミノ酸配列を以下に記載する。

ＤｎａＥインテイン－Ｎ　ＤＮＡ：

【化１０】

TGCCTGTCATACGAAACCGAGATACTGACAGTAGAATATGGCCTTCTGCCAATCGGGAAGAT
TGTGGAGAAACGGATAGAATGCACAGTTTACTCTGTCGATAACAATGGTAACATTTATACTC
AGCCAGTTGCCCAGTGGCACGACCGGGGAGAGCAGGAAGTATTCGAATACTGTCTGGAGGA
TGGAAGTCTCATTAGGGCCACTAAGGACCACAAATTTATGACAGTCGATGGCCAGATGCTGC
CTATAGACGAAATCTTTGAGCGAGAGTTGGACCTCATGCGAGTTGACAACCTTCCTAAT
(配列番号：5029)

ＤｎａＥインテイン－Ｎタンパク質：

ＣＬＳＹＥＴＥＩＬＴＶＥＹＧＬＬＰＩＧＫＩＶＥＫＲＩＥＣＴＶＹＳＶＤＮＮＧＮＩＹＴＱＰＶＡＱＷＨＤＲＧＥＱＥＶＦＥＹＣＬＥＤＧＳＬＩＲＡＴＫＤＨＫＦＭＴＶＤＧＱＭＬＰＩＤＥＩＦＥＲＥＬＤＬＭＲＶＤＮＬＰＮ（配列番号５０３０）

ＤｎａＥインテイン－Ｃ　ＤＮＡ：

ＡＴＧＡＴＣＡＡＧＡＴＡＧＣＴＡＣＡＡＧＧＡＡＧＴＡＴＣＴＴＧＧＣＡＡＡＣＡＡＡＡＣＧＴＴＴＡＴＧＡＴＡＴＴＧＧＡＧＴＣＧＡＡＡＧＡＧＡＴＣＡＣＡＡＣＴＴＴＧＣ

ＴＣＴＧＡＡＧＡＡＣＧＧＡＴＴＣＡＴＡＧＣＴＴＣＴＡＡＴ（配列番号５０３１）
ＤｎａＥインテイン－Ｃタンパク質：
ＭＩＫＩＡＴＲＫＹＬＧＫＱＮＶＹＤＩＧＶＥＲＤＨＮＦＡＬＫＮＧＦＩＡＳＮ（配列番号５０３２）
Ｃｆａ－Ｎ　ＤＮＡ：
【化１１】
TGCCTGTCTTATGATACCGAGATACTTACCGTTGAATATGGCTTCTTGCCTATTGGAAAGATT
GTCGAAGAGAGAATTGAATGCACAGTATATACTGTAGACAAGAATGGTTTCGTTTACACACA
GCCCATTGCTCAATGGCACAATCGCGGCGAACAAGAAGTATTTGAGTACTGTCTCGAGGATG
GAAGCATCATACGAGCAACTAAAGATCATAAATTCATGACCACTGACGGGCAGATGTTGCC
AATAGATGAGATATTCGAGCGGGGCTTGGATCTCAAACAAGTGGATGGATTG CCA (配列番号
: 5033)

Ｃｆａ－Ｎタンパク質：
ＣＬＳＹＤＴＥＩＬＴＶＥＹＧＦＬＰＩＧＫＩＶＥＥＲＩＥＣＴＶＹＴＶＤＫＮＧＦＶＹ
ＴＱＰＩＡＱＷＨＮＲＧＥＱＥＶＦＥＹＣＬＥＤＧＳＩＩＲＡＴＫＤＨＫＦＭＴＴＤＧＱ
ＭＬＰＩＤＥＩＦＥＲＧＬＤＬＫＱＶＤＧＬＰ（配列番号５０３４）
Ｃｆａ－Ｃ　ＤＮＡ：
ＡＴＧＡＡＧＡＧＧＡＣＴＧＣＣＧＡＴＧＧＡＴＣＡＧＡＧＴＴＴＧＡＡＴＣＴＣＣＣＡ
ＡＧＡＡＧＡＡＧＡＧＧＡＡＡＧＴＡＡＡＧＡＴＡＡＴＡＴＣＴＣＧＡＡＡＡＡＧＴＣＴ
ＴＧＧＴＡＣＣＣＡＡＡＡＴＧＴＣＴＡＴＧＡＴＡＴＴＧＧＡＧＴＧＧＡＧＡＡＡＧＡＴ
ＣＡＣＡＡＣＴＴＣＣＴＴＣＴＣＡＡＧＡＡＣＧＧＴＣＴＣＧＴＡＧＣＣＡＧＣＡＡＣ（配列番号５０３５）
Ｃｆａ－Ｃタンパク質：
ＭＫＲＴＡＤＧＳＥＦＥＳＰＫＫＫＲＫＶＫＩＩＳＲＫＳＬＧＴＱＮＶＹＤＩＧＶＥＫＤ
ＨＮＦＬＬＫＮＧＬＶＡＳＮ（配列番号５０３６）
【０９３７】
更なるドメイン：
遺伝子組換えポリペプチドは、標的ＤＮＡ配列及び鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）に結合し、標的部位に切れ目を入れ、鋳型をＤＮＡに書き込み（例えば、逆転写し）、標的部位の修飾をもたらし得る。一部の実施形態では、プロセスの効率を増強するため、更なるドメインがポリペプチドに付加され得る。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、逆転写されたＤＮＡを標的部位のＤＮＡに連結するため、更なるＤＮＡライゲーションドメインを含み得る。一部の実施形態では、ポリペプチドは、異種ＲＮＡ結合ドメインを含み得る。一部の実施形態では、ポリペプチドは、５’から３’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性を有するドメインを含み得る（例えば、ここで５’から３’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性は、例えば、元のゲノム配列にわたる改変を意図して、標的部位の改変の修復を増強する）。一部の実施形態では、ポリペプチドは、３’から５’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性、例えば、プルーフリーディング活性を有するドメインを含み得る。一部の実施形態では、ライティングドメイン、例えばＲＴドメインは、３’から５’にかけてのエキソヌクレアーゼ活性、例えば、プルーフリーディング活性を有する。
【０９３８】
鋳型核酸
本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、鋳型核酸配列を使用し、宿主標的ＤＮＡ部位を修飾することができる。一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステムは、ターゲットプライム逆転写（ＴＰＲＴ）により、ＲＮＡ配列鋳型を宿主標的ＤＮＡ部位に転写する。遺伝子組換えシステムは、ＲＮＡ配列鋳型の逆転写を介してＤＮＡ配列を宿主ゲノムに直接的に組み換えることにより、（例えば、ＣＲＩＳＰＲシステムと異なり）外因性ＤＮＡ配列を宿主細胞に導入する必要なく、目的配列を標的ゲノムに挿入できるとともに、外因性ＤＮＡ挿入ステップを除くことができる。遺伝子組換えシステムは、標的ゲノムから配列を欠失させるか、又は目的配列を用いて置換を導入することもできる。従って、遺伝子組換えシステムは、目的配列、例えば、異種遺伝子コーディング及び／

又は機能情報を含む配列を含む、カスタマイズされたＲＮＡ配列鋳型の使用のためのプラットフォームを提供する。

【０９３９】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、遺伝子組換えポリペプチドに結合する１つ又は複数の配列（例えば、２つの配列）を含む。

【０９４０】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステム又は方法は、単一の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）を含む。一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステム又は方法は、複数の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）を含む。例えば、本明細書に記載されるシステムは、（例えば、５’から３’にかけて）遺伝子組換えポリペプチド（例えば、ＤＮＡ結合ドメイン及び／又はエンドヌクレアーゼドメイン、例えば、ｇＲＮＡ）に結合する配列及び標的部位（例えば、標的ゲノム中のある部位の第２の鎖）に結合する配列を含む第１のＲＮＡ並びに（例えば、５’から３’にかけて）任意選択で、遺伝子組換えポリペプチドに結合する（例えば、ＲＴドメインに特異的に結合する）配列、異種目的配列及びＰＢＳ配列を含む第２のＲＮＡ（例えば、鋳型ＲＮＡ）を含む。一部の実施形態では、システムが複数の核酸を含む場合、各核酸は、コンジュゲートドメインを含む。一部の実施形態では、コンジュゲートドメインは、例えば、相補的配列のハイブリダイゼーションにより、核酸分子の会合を可能にする。例えば、一部の実施形態では、第１のＲＮＡは、第１のコンジュゲートドメインを含み、第２のＲＮＡは、第２のコンジュゲートドメインを含み、且つ第１及び第２のコンジュゲートドメインは、例えば、ストリンジェントな条件下で、互いにハイブリダイズすることが可能である。一部の実施形態では、ハイブリダイゼーションにおけるストリンジェントな条件は、約６５℃、４倍塩化ナトリウム／クエン酸ナトリウム（ＳＳＣ）中でのハイブリダイゼーションと、それに続く、約６５℃、１×ＳＳＣでの洗浄とを含む。

【０９４１】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、ＲＮＡを含む。一部の実施形態では、鋳型核酸は、ＤＮＡ（例えば、一本鎖又は二本鎖ＤＮＡ）を含む。

【０９４２】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、標的配列に対して相同性を有する１つ又は複数（例えば、２つ）の相同性ドメインを含む。一部の実施形態では、相同性ドメインは、約１０～２０、２０～５０、又は５０～１００ヌクレオチド長である。

【０９４３】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、例えば、遺伝子組換えポリペプチドを目的の標的部位に導くためのｇＲＮＡ配列を含み得る。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、（例えば、５’から３’にかけて）（ｉ）任意選択で、標的部位（例えば、標的ゲノム中のある部位の第２の鎖）に結合するｇＲＮＡスペーサー、（ｉｉ）任意選択で、本明細書に記載されるポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド又はＣａｓポリペプチド）に結合するｇＲＮＡスカフォールド、（ｉｉｉ）突然変異領域を含む異種目的配列（任意選択で、異種目的配列は、５’から３’にかけて、第１の相同性領域、突然変異領域、及び第２の相同性領域を含む）、並びに（ｉｖ）３’標的相同性ドメインを含むプライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含む。

【０９４４】

本明細書に記載されるゲノム編集システムの鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）成分は、典型的に、システムの遺伝子組換えポリペプチドに結合可能である。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、遺伝子組換えポリペプチドに結合可能である３’領域を有する。結合領域、例えば、３’領域は、システムの遺伝子組換えポリペプチドに結合可能である、例えば、少なくとも１、２又は３つのヘアピンループを有する構造化ＲＮＡ領域であり得る。結合領域は、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）をポリペプチドモジュールのいずれかと会合させ得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の結合領域は、ポリペプチド中のＲＮＡ結合ドメインと会合し得る。一部の実施形態で

は、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の結合領域は、遺伝子組換えポリペプチドの逆転写ドメインと会合し（例えば、ＲＴドメインに特異的に結合し）得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ポリペプチドのＤＮＡ結合ドメインと会合し得、例えば、ｇＲＮＡは、Ｃａｓ９由来のＤＮＡ結合ドメインと会合する。一部の実施形態では、結合領域は、ＤＮＡ標的認識も提供し得、例えば、ｇＲＮＡは、標的ＤＮＡ配列にハイブリダイズし、且つポリペプチド、例えばＣａｓ９ドメインに結合する。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ポリペプチドの複数の成分、例えばＤＮＡ結合ドメイン及び逆転写ドメインと会合し得る。

【０９４５】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、３’末端にポリＡテールを有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、３’末端にポリＡテールを有しない。

【０９４６】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、（例えば、エクスビボ又はインビボで、例えば、対象内の、例えば標的組織又は臓器内の）標的細胞のゲノムＤＮＡ中の所与の突然変異を修正するためにカスタマイズされ得る。例えば、突然変異は、野生型配列に対する疾患関連突然変異であり得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、任意の所与の標的部位及び編集は、ある範囲の編集効率及び忠実度をもたらす遺伝子組換えシステムにおける使用のために多数の可能な鋳型ＲＮＡ分子を有するであろう。このスクリーニング負荷を部分的に減少させるために、経験的パラメータセットは、鋳型ＲＮＡ又はその一部の最適な初期インシリコ設計を確保するのに役立つ。非限定的な実例として、選択された突然変異について、以下の設計パラメータが利用され得る。一部の実施形態では、設計は、標的領域として機能するように、突然変異のいずれかの側に、約５００ｂｐ（例えば、最大で５０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、５５０、６００、６５０若しくは７００ｂｐ、及び任意選択で少なくとも２０、３０、４０、５０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、５５０、６００若しくは６５０ｂｐ）の隣接配列を得ることによって開始される。一部の実施形態では、鋳型核酸は、ｇＲＮＡを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、標的部位に結合する配列（例えば、ＣＲＩＳＰＲスペーサー）を含む。一部の実施形態では、鋳型核酸の標的領域に対する標的化における使用のための標的部位に結合する配列（例えば、ＣＲＩＳＰＲスペーサー）は、特定の遺伝子組換えポリペプチド（例えば、エンドヌクレアーゼドメイン又はライティングドメイン、例えばＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む）の使用（例えば、Ｃａｓ９の場合、２０ヌクレオチドｇＲＮＡ結合領域のすぐ３’側のＮＧＧのプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ））を検討することによって選択される。一部の実施形態では、ＣＲＩＳＰＲスペーサーは、最初に、ＰＡＭが遺伝子組換えシステム誘導編集によって破壊されることになるか否かによる順序付けによって選択される。一部の実施形態では、ＰＡＭの破壊は、編集効率を増加させ得る。一部の実施形態では、ＰＡＭは、遺伝子組換え中、（例えば、ゲノムＤＮＡ中の標的部位に対する別の修飾の一部として又はそれに加えて）サイレント突然変異（例えば、いくらかであっても、標的核酸配列によってコードされるアミノ酸残基を改変しない突然変異）を標的部位に導入することによっても破壊され得る。一部の実施形態では、ＣＲＩＳＰＲスペーサーは、配列の、それらの所望の編集位置に対応するゲノム部位の近接による順序付けによって選択される。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、ｇＲＮＡスカフォールドを含む。一部の実施形態では、使用されるｇＲＮＡスカフォールドは、標準のスカフォールド（例えば、Ｃａｓ９の場合、５’－ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣ－３’；配列番号１１，００３）であり得るか、又は１つ又は複数のヌクレオチド置換を含み得る。一部の実施形態では、異種目的配列は、少なくとも９０％の同一性、例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有し、又は遺伝子組換えによって標的部位に書き込まれ得る任意の挿入、置換若しくは欠失を除いて、第１の鎖ニックの３’側の標的部位に対して非同一性の、１、２、３、４若しく

は５つ以下の位置（例えば、第１の鎖ニックのすぐ３’側、又は第１の鎖ニックの３’側の最大で１、２、３、４若しくは５ヌクレオチド）を含む。一部の実施形態では、３’標的相同性ドメインは、少なくとも９０％の同一性、例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％、９９％若しくは１００％の同一性を有し、又は第１の鎖ニックの５’側の標的部位に対して非同一性の、１、２、３、４若しくは５つ以下の位置（例えば、第１の鎖ニックのすぐ５’側、又は第１の鎖ニックの３’側の最大で１、２、３、４若しくは５ヌクレオチド）を含む。

【０９４７】

一部の実施形態では、鋳型核酸は、鋳型ＲＮＡである。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数の修飾ヌクレオチドを含む。例えば、一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のデオキシリボヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡの領域は、例えば、分子の安定性を増強するため、ＤＮＡヌクレオチドで置換される。例えば、鋳型の３’末端は、ＤＮＡヌクレオチドを含み得る一方、鋳型の残り部分は、逆転写され得るＲＮＡヌクレオチドを含む。例えば、一部の実施形態では、異種目的配列は、主に又は全体的に、ＲＮＡヌクレオチド（例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％若しくは９９％のＲＮＡヌクレオチド）から構成される。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、主に又は全体的に、ＤＮＡヌクレオチド（例えば、少なくとも９０％、９５％、９８％若しくは９９％のＤＮＡヌクレオチド）から構成される。他の実施形態では、ゲノムへのライティングのための異種目的配列は、ＤＮＡヌクレオチドを含み得る。一部の実施形態では、鋳型中のＤＮＡヌクレオチドは、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性の能力があるドメインによってゲノム中に複製される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ポリペプチド中のＤＮＡポリメラーゼドメインによって提供される。一部の実施形態では、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ活性は、ＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合、例えば、第２の鎖合成の能力もある逆転写酵素ドメインによって提供される。一部の実施形態では、鋳型分子は、ＤＮＡヌクレオチドのみで構成される。

【０９４８】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムは、本明細書に記載される鋳型ＲＮＡの配列を共に含む２つの核酸を含む。一部の実施形態では、２つの核酸は、非共有結合的に互いに会合し、例えば、直接互いに会合し（例えば、塩基対合によって）、又は１つ又は複数の更なる分子を含む複合体の一部として間接的に会合する。

【０９４９】

本明細書に記載される鋳型ＲＮＡは、５’から３’にかけて：（１）ｇＲＮＡスペーサー；（２）ｇＲＮＡスカフォールド；（３）異種目的配列（４）プライマー結合部位（ＰＢＳ）配列を含み得る。これらの成分のそれぞれが、ここでより詳細に記載される。

【０９５０】

ｇＲＮＡスペーサー及びｇＲＮＡスカフォールド

本明細書に記載される鋳型ＲＮＡは、遺伝子組換えシステムを標的核酸に導くｇＲＮＡスペーサー、及び鋳型ＲＮＡと遺伝子組換えポリペプチドのＣａｓドメインとの会合を促進するｇＲＮＡスカフォールドを含み得る。本明細書に記載されるシステムは、鋳型核酸の一部でないｇＲＮＡも含み得る。例えば、ｇＲＮＡスペーサー及びｇＲＮＡスカフォールドを含むが、異種目的配列又はＰＢＳ配列を含まないｇＲＮＡが使用されて、例えば、例えば本明細書において「第２の鎖ニッキング（Ｓｅｃｏｎｄ　Ｓｔｒａｎｄ　Ｎｉｃｋｉｎｇ）」という表題の節に記載されるように、第２の鎖ニッキングを誘導し得る。

【０９５１】

一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、ＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質の結合に関与するスカフォールド配列と、ゲノム標的に対するユーザ定義の約２０ヌクレオチドの標的配列から構成される短い合成ＲＮＡである。完全ｇＲＮＡの構造は、Ｎｉｓｈｉｍａｓｕ　ｅｔ　ａｌ．Ｃｅｌｌ　１５６，Ｐ９３５－９４９（２０１４）に記載された。ｇＲＮＡ（単一ガイドＲＮＡに対するｓｇＲＮＡとも称される）は、人工的テトラループで接続されたｃｒＲＮＡ由来及びｔｒａｃｒＲＮＡ由来の配列からなる。ｃｒＲＮＡ配列は、ガイド（２

０ｎｔ）及びリピート（１２ｎｔ）領域に分割され得る一方、ｔｒａｃｒＲＮＡ配列は、アンチリピート（１４ｎｔ）及び３つのｔｒａｃｒＲＮＡステムループに分割され得る（Ｎｉｓｈｉｍａｓｕ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ １５６，Ｐ９３５－９４９（２０１４））。実際、ガイドＲＮＡ配列は、一般に、１７～２４のヌクレオチド（例えば、１９、２０若しくは２１ヌクレオチド）の長さを有し、且つ標的核酸配列に対して相補的であるように設計される。カスタムｇＲＮＡのジェネレーター及びアルゴリズムは、有効なガイドＲＮＡの設計における使用のため、商業的に利用可能である。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、天然ＣＲＩＳＰＲシステムからの２つのＲＮＡ成分、例えばｃｒＲＮＡ及びｔｒａｃｒＲＮＡを含む。当技術分野で周知のように、ｇＲＮＡは、ｔｒａｃｒＲＮＡ（ヌクレアーゼに結合するため）及び少なくとも１つのｃｒＲＮＡ（ヌクレアーゼを編集／結合について標的化された配列に導くため）の両方からの配列を含むキメラの単一ＲＮＡ（ｓｇＲＮＡ）も含み得る。化学修飾ｓｇＲＮＡは、ＣＲＩＳＰＲ関連タンパク質での使用に有効であることも証明されており；例えば、Ｈｅｎｄｅｌ ｅｔ ａｌ．（２０１５）Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．，９８５－９９１を参照されたい。一部の実施形態では、ｇＲＮＡスペーサーは、標的遺伝子と会合されるＤＮＡ配列に対して相補的である核酸配列を含む。

【０９５２】

一部の実施形態では、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡの領域は、（例えば、Ｍｕｌｅｐａｔｉ ｅｔ ａｌ．Ｓｃｉｅｎｃｅ １９ Ｓｅｐ ２０１４：Ｖｏｌ．３４５，Ｉｓｓｕｅ ６２０３，ｐｐ．１４７９－１４８４に記載のように）標的ＤＮＡに結合したｇＲＮＡのアンダーワウンドリボン様構造をとる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、この非標準構造は、ＲＮＡ－ＤＮＡハイブリッドからの６ヌクレオチドごとの回転によって促進されると考えられる。従って、一部の実施形態では、ｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡの領域は、いくらかの間隔で、例えば、６塩基ごとの、標的部位とのミスマッチの増加を許容し得る。一部の実施形態では、標的部位に対する相同性を含むｇＲＮＡを含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡの領域は、規則的間隔で、例えば、６塩基ごとに、標的部位と塩基対合する必要がないようなゆらぎ位置を有し得る。

【０９５３】

一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、例えば、遺伝子組換えポリペプチド（表８）のＣａｓ９ドメインに適切な長さのｇＲＮＡスペーサー配列を含む、例えば、５’末端において、標的部位に対して少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９９％若しくは１００％の相同性の少なくとも１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３若しくは２４の塩基を有する。

【０９５４】

表１２は、ｇＲＮＡ及び／又は鋳型ＲＮＡを設計するための成分を定義し、遺伝子組換えについての表８に列記されるＣａｓ変異体を適用するためのパラメータを提供する。切断部位は、検証又は予測されたプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）の要件、（ＰＡＭ部位の最も上流の塩基に対する）検証又は予測された切断部位の位置を示す。所与の酵素に対するｇＲＮＡは、ｃｒＲＮＡ、テトラループ、及びｔｒａｃｒＲＮＡ配列を連結し、標的部位でプロトスペーサーに一致するスペーサー（最小）及びスペーサー（最大）以内の長さの５’スペーサーを更に付加することによって構築され得る。更に、標的でのｓｓＤＮＡニックの予測された位置は、標的プライミング逆転写を開始させるため、ニックのすぐ５’側の配列にアニールし得る鋳型ＲＮＡのＰＢＳ配列を設計するために重要である。一部の実施形態では、本明細書に記載されるｇＲＮＡスカフォールドは、５’から３’方向に、表１２のｃｒＲＮＡ、表１２の同じ行からのテトラループ、及び表１２の同じ行からのｔｒａｃｒＲＮＡ、又はそれと少なくとも７０％、８０％、８５％、９０％、９５％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む核酸配列を含む。一部の実施形態では、スカフォールドを含むｇＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡは、表１２の同じ行に示されるスペーサー（最小）及びスペーサー（最大）以内の長さを有するｇＲＮＡスペーサーを更に含む。一部

の実施形態では、表１２に従う配列を有するｇＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドを更に含むシステムに含まれ、ここで、遺伝子組換えポリペプチドは、表１２の同じ行に記載されるＣａｓドメインを含む。

【０９５５】

【表１２－１】

*表12. 遺伝子組換えシステムにおいて表8に列記されるCas変異体を適用するため, gRNA及び/又は鋳型RNAを設計するための成分を規定するためのパラメータ*

| 変異体 | PAM(s) | 配列番号 | 切断 | ティア | スペーサー（最小） | スペーサー（最大） | crRNA | 配列番号 | テトラループ | 配列番号 | tracrRNA | 配列番号 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Nme2Cas9 | NNNNCC | | -3 | 1 | 22 | 24 | GTTGTAGC TCCCTTTCT CATTTCG | 10,051 | GAAA | | CGAAATGAGAACCGTTGCTACAATAAGGC CGTCTGAAAAGATGTGCCGCAACGCTCTG CCCCTTAAAGCTTCTGCTTTAAGGGGCATC GTTTA | 10,151 |
| PpnCas9 | NNNNRTT | | | 1 | 21 | 24 | GTTGTAGC TCCCTTTTT CATTTCGC | 10,052 | GAAA | | GCGAAATGAAAAACGTTGTTACAATAAGA GATGAATTTCTCGCAAAGCTCTGCCTCTTG AAATTTCGGTTTCAAGAGGCATC | 10,152 |
| SauCas9 | NNGRR,N NGRRT | | -3 | 1 | 21 | 23 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,053 | GAAA | | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,153 |
| SauCas9-KKH | NNNRR,N NNRRT | | -3 | 1 | 21 | 21 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,054 | GAAA | | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,154 |
| SauriCas9 | NNGG | | -3 | 1 | 21 | 21 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,055 | GAAA | | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,155 |
| SauriCas9-KKH | NNRG | | -3 | 1 | 21 | 21 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,056 | GAAA | | CAGAATCTACTAAAACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,156 |
| ScaCas9-Sc++ | NNG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,057 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,157 |
| SpyCas9 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,058 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,158 |
| SpyCas9_i_v1 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10057 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGGACTTCGGTCCAAGTGGCACC GAGTCGGTGC | 10,193 |
| SpyCas9_i_v2 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10057 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGGAGCTTGCTCCAAGTGGCACC GAGTCGGTGC | 10,194 |

【０９５６】

【表１２－２】

| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9_i_v3 | NGG | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10057 | GAAA | | GTTTTAGAGCTAGAAATAGCAAGTTAAAA TAAGGCTAGTCCGTTATCGACTTGAAAAA GTCGCACCGAGTCGGTGC | 10,195 |
| SpyCas9-NG | NG (NGG=NG A=NGT>N GC) | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,059 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,159 |
| SpyCas9-SpRY | NRN>NYN | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,060 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,160 |
| St1Cas9 | NNAGAA W>NNAG GAW=NN GGAAW | | -3 | 1 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,061 | GTAC | | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,161 |
| BlatCas9 | NNNNCN AA>NNNN CNDD>NN NNC | | -3 | 1 | 19 | 23 | GCTATAGT TCCTTACT | 10,062 | GAAA | | GGTAAGTTGCTATAGTAAGGGCAACAGAC CCGAGGCGTTGGGGATCGCCTAGCCCGTG TTTACGGGCTCTCCCCATATTCAAAATAAT GACAGACGAGCACCTTGGAGCATTTATCT CCGAGGTGCT | 10,162 |
| cCas9-v16 | NNVACT; NNVATG M;NNVAT T;NNVGCT ;NNVGTG; NNVGTT | | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,063 | GAAA | | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,163 |
| cCas9-v17 | NNVRRN | | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,064 | GAAA | | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,164 |
| cCas9-v21 | NNVACT; NNVATG M;NNVAT T;NNVGCT ;NNVGTG; NNVGTT | | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,065 | GAAA | | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,165 |
| cCas9-v42 | NNVRRN | | -3 | 2 | 21 | 21 | GTCTTAGT ACTCTG | 10,066 | GAAA | | CAGAATCTACTAAGACAAGGCAAAATGCC GTGTTTATCTCGTCAACTTGTTGGCGAGA | 10,166 |

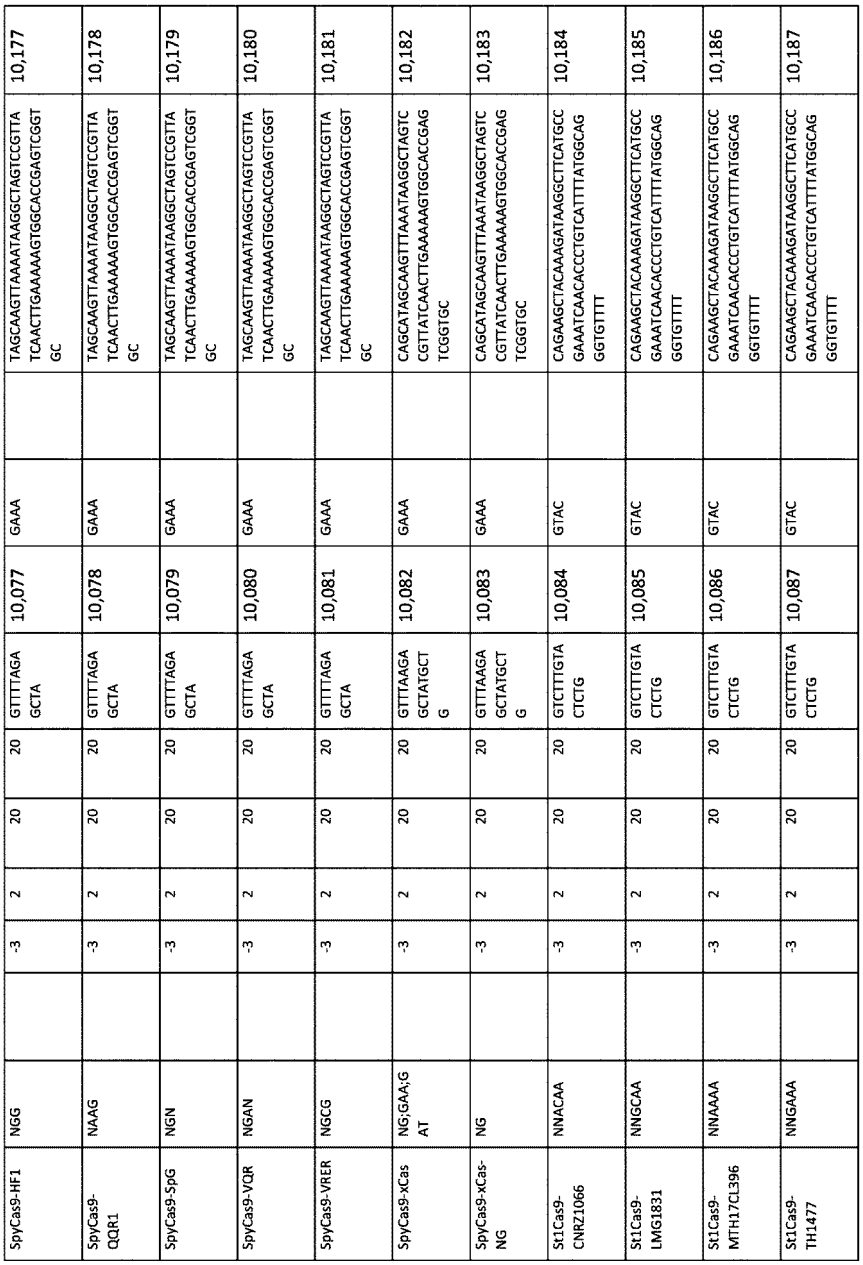
【０９５７】

【表１２－３】

| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| CdiCas9 | NNRHHHY;NNRAAAY | | 2 | 22 | 22 | ACTGGGGTTCAG | 10,067 | GAAA | | CTGAACCTCAGTAAGCATTGGCTCGTTTCCAATGTTGATTGCTCCGCCGGTGCTCCTTATTTTTAAGGGCGCCGGC | 10,167 |
| CjeCas9 | NNNNRYAC | -3 | 2 | 21 | 23 | GTTTTAGTCCCT | 10,068 | GAAA | | AGGGACTAAAATAAAGAGTTTGCGGGACTCTGCGGGGTTACAATCCCCTAAAACCGC | 10,168 |
| GeoCas9 | NNNNCRAA | | 2 | 21 | 23 | GTCATAGTTCCCCTGA | 10,069 | GAAA | | TCAGGGTTACTATGATAAGGGCTTTCTGCCTAAGGCAGACTGACCCGCGGCGTTGGGGATCGCCTGTCGCCCGCTTTTGGCGGGCATTCCCCATCCTT | 10,169 |
| iSpyMacCas9 | NAAN | -3 | 2 | 19 | 21 | GTTTTAGAGCTA | 10,070 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGTGC | 10,170 |
| NmeCas9 | NNNNGAYT;NNNNGYTT;NNNNGAYA;NNNNGTCT | -3 | 2 | 20 | 24 | GTTGTAGCTCCCTTTCTCATTTCG | 10,071 | GAAA | | CGAAATGAGAACCGTTGCTACAATAAGGCCGTCTGAAAAGATGTGCCGCAACGCTCTGCCCCTTAAAGCTTCTGCTTTAAGGGGCATCGTTTA | 10,171 |
| ScaCas9 | NNG | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGAGCTA | 10,072 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGTGC | 10,172 |
| ScaCas9-HiFi-Sc++ | NNG | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGAGCTA | 10,073 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGTGC | 10,173 |
| SpyCas9-3var-NRRH | NRRH | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGAGCTATGCTG | 10,074 | GAAA | | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,174 |
| SpyCas9-3var-NRTH | NRTH | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGAGCTATGCTG | 10,075 | GAAA | | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,175 |
| SpyCas9-3var-NRCH | NRCH | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGAGCTATGCTG | 10,076 | GAAA | | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,176 |

【０９５８】

【表１２－４】



| | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| SpyCas9-HF1 | NGG | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,077 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,177 |
| SpyCas9-QQR1 | NAAG | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,078 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,178 |
| SpyCas9-SpG | NGN | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,079 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,179 |
| SpyCas9-VQR | NGAN | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,080 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,180 |
| SpyCas9-VRER | NGCG | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTTAGA GCTA | 10,081 | GAAA | | TAGCAAGTTAAAATAAGGCTAGTCCGTTA TCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGT GC | 10,181 |
| SpyCas9-xCas | NG;GAA;GAT | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,082 | GAAA | | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,182 |
| SpyCas9-xCas-NG | NG | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTTTAAGA GCTATGCT G | 10,083 | GAAA | | CAGCATAGCAAGTTTAAATAAGGCTAGTC CGTTATCAACTTGAAAAAGTGGCACCGAG TCGGTGC | 10,183 |
| St1Cas9-CNRZ1066 | NNACAA | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,084 | GTAC | | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,184 |
| St1Cas9-LMG1831 | NNGCAA | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,085 | GTAC | | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,185 |
| St1Cas9-MTH17CL396 | NNAAAA | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,086 | GTAC | | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,186 |
| St1Cas9-TH1477 | NNGAAA | | -3 | 2 | 20 | 20 | GTCTTTGTA CTCTG | 10,087 | GTAC | | CAGAAGCTACAAAGATAAGGCTTCATGCC GAAATCAACACCCTGTCATTTTATGGCAG GGTGTTTT | 10,187 |

【０９５９】

【表１２－５】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| sRGN3.1 | NNGG | | | 1 | 21 | 23 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,088 | GAAA | | CAGAATCTACTGAAACAAGACAATATGTC GTGTTTATCCCATCAATTTATTGGTGGGAT TTT | 10,188 |
| sRGN3.3 | NNGG | | | 1 | 21 | 23 | GTTTTAGT ACTCTG | 10,089 | GAAA | | CAGAATCTACTGAAACAAGACAATATGTC GTGTTTATCCCATCAATTTATTGGTGGGAT TTT | 10,189 |

【０９６０】

本明細書において、ＲＮＡ配列（例えば、鋳型ＲＮＡ配列）が、チミン（Ｔ）を含む特定の配列（例えば、表１２の配列又はその部分）を含むと記載される場合、当然ながら、ＲＮＡ配列は、Ｔの代わりにウラシル（Ｕ）を含み得る（含むことが多い）ことが理解される。例えば、ＲＮＡ配列は、表１２中の配列においてＴとして示される全ての位置においてＵを含み得る。より具体的には、本開示は、表１２の全てのｇＲＮＡスカフォールド配列に従うＲＮＡ配列を提供し、ここで、ＲＮＡ配列は、表１２中の配列において各Ｔの代わりにＵを有する。更に、末端Ｕｓ及びＴｓが、任意選択で付加されるか又はｔｒａｃｒＲＮＡ配列から除去され得、ＲＮＡとして提供される場合、修飾されるか又は非修飾であり得ることが理解される。特定の例に束縛されることを意図しないが、表１２において例示されるものの代替となるｇＲＮＡスカフォールド配列の形態、例えば、ヌクレオチド付加、置換若しくは欠失を有する代替的なｇＲＮＡスカフォールド配列、例えば、ステム－ループ構造が付加若しくは除去された配列は、表８において例示される異なるＣａｓ９酵素又はその誘導体と一緒にも機能し得る。ｇＲＮＡスカフォールド配列が、所与のシステム、Ｃａｓ－ＲＴ融合ポリペプチド、指示、標的突然変異、鋳型ＲＮＡ、又は送達ビヒ

クルについて同様に最適化され得る遺伝子組換えシステムの成分を表すことが、本明細書において考えられる。

【０９６１】

異種目的配列

本明細書に記載される鋳型ＲＮＡは、所望の配列を標的核酸に書き込むために、遺伝子組換えポリペプチドが逆転写のための鋳型として使用し得る異種目的配列を含み得る。一部の実施形態では、異種目的配列は、５’から３’に、後編集相同性領域、突然変異領域及び前編集相同性領域を含む。特定の理論に束縛されることを意図しないが、鋳型ＲＮＡにおける逆転写を行うＲＴは、最初に、前編集相同性領域、次に突然変異領域及び次に後編集相同性領域を逆転写し、それによりいずれの側にも相同性領域を有する所望の突然変異を含むＤＮＡ鎖を生成する。

【０９６２】

一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、少なくとも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、１２０、１４０、１６０、１８０、２００、５００若しくは１、０００ヌクレオチド（ｎｔ）、又は長さが、少なくとも１、１．５、２、２．５、３、３．５、４、４．５、５、５．５、６、６．５、７、７．５、８、８．５、９、９．５若しくは１０キロベースである。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、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、１２０、１４０、１６０、１８０、２００、５００、１、０００若しくは２０００ヌクレオチド（ｎｔ）以下、又は長さが、２０、１５、１０、９、８、７、６、５、４若しくは３キロベース以下である。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、３０～１０００、４０～１０００、５０～１０００、６０～１０００、７０～１０００、７４～１０００、７５～１０００、７６～１０００、７７～１０００、７８～１０００、７９～１０００、８０～１０００、８５～１０００、９０～１０００、１００～１０００、１２０～１０００、１４０～１０００、１６０～１０００、１８０～１０００、２００～１０００、５００～１０００、３０～５００、４０～５００、５０～５００、６０～５００、７０～５００、７４～５００、７５～５００、７６～５００、７７～５００、７８～５００、７９～５００、８０～５００、８５～５００、９０～５００、１００～５００、１２０～５００、１４０～５００、１６０～５００、１８０～５００、２００～５００、３０～２００、４０～２００、５０～２００、６０～２００、７０～２００、７４～２００、７５～２００、７６～２００、７７～２００、７８～２００、７９～２００、８０～２００、８５～２００、９０～２００、１００～２００、１２０～２００、１４０～２００、１６０～２００、１８０～２００、３０～１００、４０～１００、５０～１００、６０～１００、７０～１００、７４～１００、７５～１００、７６～１００、７７～１００、７８～１００、７９～１００、８０～１００、８５～１００若しくは９０～１００ヌクレオチド（ｎｔ）、又は長さが、１～２０、１～１５、１～１０、１～９、１～８、１～７、１～６、１～５、１～４、１～３、１～２、２～２０、２～１５、２～１０、２～９、２～８、２～７、２～６、２～５、２～４、２～３、３～２０、３～１５、３～１０、３～９、３～８、３～７、３～６、３～５、３～４、４～２０、４～１５、４～１０、４～９、４～８、４～７、４～６、４～５、５～２０、５～１５、５～１０、５～９、５～８、５～７、５～６、６～２０、６～１５、６～１０、６～９、６～８、６～７、７～２０、７～１５、７～１０、７～９、７～８、

８～２０、８～１５、８～１０、８～９、９～２０、９～１５、９～１０、１０～１５、１０～２０若しくは１５～２０キロベースである。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが、１０～１００、１０～９０、１０～８０、１０～７０、１０～６０、１０～５０、１０～４０、１０～３０、又は１０～２０ｎｔ、例えば、長さが１０～８０、１０～５０、又は１０～２０ｎｔ、例えば、長さが約１０～２０ｎｔである。一部の実施形態では、異種目的配列は、長さが８～３０、９～２５、１０～２０、１１～１６又は１２～１５ヌクレオチド、例えば長さが１１～１６ｎｔである。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、編集のより大きい挿入サイズ、より大きい領域（例えば、標的領域中の第１の編集／置換及び第２の編集／置換間の距離）及び／又はより多い数の所望の編集（例えば、標的ゲノムに対する異種目的配列のミスマッチ）、より長い最適な異種目的配列をもたらし得る。

【０９６３】

特定の実施形態では、鋳型核酸は、例えば、異種コード領域をゲノムに導入し；エクソンの構造／選択的スプライシングに影響するか若しくはそれを引き起こし、例えば、１つ又は複数のエクソンのエクソンスキッピングをもたらし；内因性遺伝子の破壊を引き起こし、例えば、遺伝子ノックアウトを生成し；内因性遺伝子の転写活性化を引き起こし；内因性ＤＮＡのエピジェネティック調節を引き起こし；１つ又は複数の作動可能に連結された遺伝子の上方制御を引き起こし、例えば、遺伝子活性化若しくは過剰発現をもたらし；１つ又は複数の作動可能に連結された遺伝子の下方制御を引き起こし、例えば、遺伝子ノックダウンを生成することなどにより、宿主ゲノム機能を改変又は特定化する配列を含むように同定、設計、改変及び構築可能である、カスタマイズされたＲＮＡ配列鋳型を含む。特定の実施形態では、カスタマイズされたＲＮＡ配列鋳型は、エクソン及び／又は導入遺伝子をコードする配列を含むように、転写因子アクチベーター、リプレッサ、エンハンサーなどに対する結合部位、及びそれらの組合せを意図して、改変され得る。一部の実施形態では、カスタマイズされた鋳型は、標的部位に作動可能に連結された内因性ＲＮＡ転写物又は内因性タンパク質において発現される核酸又はペプチドタグをコードするように改変され得る。他の実施形態では、コード配列は、スプライスドナー部位、スプライスアクセプター部位、又はポリＡテールで更にカスタマイズされ得る。

【０９６４】

システムの鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、典型的に、所望の配列を標的ＤＮＡに書き込むための目的配列（例えば、異種目的配列）を含む。目的配列は、コーディング又はノンコーディング配列であり得る。鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡ遺伝子座において挿入、突然変異、又は欠失をもたらすように設計され得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡにおける挿入を引き起こすように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、異種配列を含み得、逆転写は、異種配列の標的ＤＮＡへの挿入をもたらすことになる。他の実施形態では、ＲＮＡ鋳型は、欠失を標的ＤＮＡに導入するように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、所望の欠失の上流及び下流で標的ＤＮＡに一致することがあり、逆転写は、介在配列を有しない鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）からの上流及び下流配列の複製をもたらし、例えば、介在配列の欠失を引き起こすことになる。他の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、編集を標的ＤＮＡに導入するように設計され得る。例えば、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のヌクレオチドを例外として、標的ＤＮＡ配列に一致することがあり、逆転写は、標的ＤＮＡへのこれらの編集の複製をもたらし、例えば、突然変異、例えば、トランジション又はトランスバージョン突然変異をもたらすことになる。

【０９６５】

一部の実施形態では、標的部位への目的配列の書き込みは、ヌクレオチドの置換をもたらし、例えば、ここで、目的配列の完全長は、１つ又は複数のミスマッチ塩基を有する標的部位の一致している長さに対応する。一部の実施形態では、異種目的配列は、配列変異の組合せ、例えば、同時の付加及び欠失、付加及び置換、又は欠失及び置換が存在し得るように設計され得る。

【０９６６】
一部の実施形態では、異種目的配列は、オープンリーディングフレーム又はオープンリーディングフレームの断片を含有し得る。一部の実施形態では、異種目的配列は、コザック配列を有する。一部の実施形態では、異種目的配列は、内部リボソーム進入部位を有する。一部の実施形態では、異種目的配列は、Ｔ２Ａ又はＰ２Ａ部位などの自己切断型ペプチドを有する。一部の実施形態では異種目的配列は、開始コドンを有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、スプライスアクセプター部位を有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、スプライスドナー部位を有する。例示的なスプライスアクセプター及びスプライスドナー部位は、国際公開第２０１６０４４４１６号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。例示的なスプライスアクセプター部位配列は、当業者に公知である。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、停止コドンの下流にｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、オープンリーディングフレームの停止コドンの下流にポリＡテールを有する。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のエクソンを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のイントロンを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、真核生物転写ターミネーターを含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、増強された翻訳エレメント又は翻訳増強エレメントを含む。一部の実施形態では、ＲＮＡは、ヒトＴ細胞白血病ウイルス（ｈｕｍａｎ Ｔ－ｃｅｌｌ ｌｅｕｋｅｍｉａ ｖｉｒｕｓ）（ＨＴＬＶ－１）Ｒ領域を含む。一部の実施形態では、ＲＮＡは、核外輸送を増強する転写後調節配列、例えば、Ｂ型肝炎ウイルス（Ｈｅｐａｔｉｔｉｓ Ｂ Ｖｉｒｕｓ）（ＨＰＲＥ）又はウッドチャック肝炎ウイルス（Ｗｏｏｄｃｈｕｃｋ Ｈｅｐａｔｉｔｉｓ Ｖｉｒｕｓ）（ＷＰＲＥ）のものを含む。

【０９６７】
一部の実施形態では、異種目的配列は、ノンコーディング配列を含有し得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、調節エレメント、例えば、プロモータ又はエンハンサー配列又はｍｉＲＮＡ結合部位を含み得る。一部の実施形態では、標的部位での目的配列の組み込みは、内因性遺伝子の上方制御をもたらすことになる。一部の実施形態では、標的部位での目的配列の組み込みは、内因性遺伝子の下方制御をもたらすことになる。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、組織特異的プロモータ又はエンハンサーを含み、その各々は、一方向又は二方向であり得る。一部の実施形態では、プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩプロモータ、ＲＮＡポリメラーゼＩＩプロモータ、又はＲＮＡポリメラーゼＩＩＩプロモータである。一部の実施形態では、プロモータは、ＴＡＴＡエレメントを含む。一部の実施形態では、プロモータは、Ｂ認識エレメントを含む。一部の実施形態では、プロモータは、転写因子のための１つ又は複数の結合部位を有する。

【０９６８】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、エピジェネティック修飾を連携させる部位を含む。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、クロマチン絶縁体を含む。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＣＴＣＦ部位又はＤＮＡメチル化に対して標的化された部位を含む。

【０９６９】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、エフェクター配列に作動可能に連結された少なくとも１つの調節領域から構成される遺伝子発現ユニットを含む。エフェクター配列は、ＲＮＡに転写される配列（例えば、コーディング配列又はノンコーディング配列、例えば、ｍｉｃｒｏＲＮＡをコードする配列）であり得る。

【０９７０】
一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、内因性イントロン中に標的ゲノムに挿入される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、標的ゲノムに挿入され、それにより新しいエクソンとして作用する。一部の実施形態では、異種目的配列の標的ゲノムへの挿入は、天然のエクソンの置換

又は天然のエクソンのスキッピングをもたらす。

【０９７１】

一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、ＡＡＶＳ１、ＣＣＲ５、ＲＯＳＡ２６、又はアルブミン遺伝子座などのゲノムセーフハーバー部位中の標的ゲノムに挿入される。一部の実施形態では、遺伝子組換えを用いて、ＣＡＲをＴ細胞受容体α定常（ＴＲＡＣ）遺伝子座に組み込む（Ｅｙｑｕｅｍ ｅｔ ａｌ Ｎａｔｕｒｅ ５４３，１１３－１１７（２０１７））。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムを用いて、ＣＡＲをＴ細胞受容体β定常（ＴＲＢＣ）遺伝子座に組み込む。多くの他のセーフハーバーが、コンピューター手法によって同定されており（Ｐｅｌｌｅｎｚ ｅｔ ａｌ Ｈｕｍ Ｇｅｎ Ｔｈｅｒ ３０，８１４－８２８（２０１９））、遺伝子組換えシステム媒介性組み込みに使用可能である。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、インタージェニック又はイントラジェニック領域内のゲノムに付加される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、内因性活性遺伝子の０．１ｋｂ、０．２５ｋｂ、０．５ｋｂ、０．７５、ｋｂ、１ｋｂ、２ｋｂ、３ｋｂ、４ｋｂ、５ｋｂ、７．５ｋｂ、１０ｋｂ、１５ｋｂ、２０ｋｂ、２５ｋｂ、５０、７５ｋｂ若しくは１００ｋｂ以内のゲノム５’又は３’に付加される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、内因性プロモータ又はエンハンサー０．１ｋｂ、０．２５ｋｂ、０．５ｋｂ、０．７５、ｋｂ、１ｋｂ、２ｋｂ、３ｋｂ、４ｋｂ、５ｋｂ、７．５ｋｂ、１０ｋｂ、１５ｋｂ、２０ｋｂ、２５ｋｂ、５０、７５ｋｂ若しくは１００ｋｂ以内のゲノム５’又は３’に付加される。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の異種目的配列は、例えば、５０～５０，０００塩基対（例えば、５０～４０，０００ｂｐ間、５００～３０，０００ｂｐ間、５００～２０，０００ｂｐ間、１００～１５，０００ｂｐ間、５００～１０，０００ｂｐ間、５０～１０，０００ｂｐ間、５０～５，０００ｂｐ間であり得る。

【０９７２】

鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡ遺伝子座で挿入、突然変異、又は欠失をもたらすように設計され得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡ中に挿入を引き起こすように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、異種目的配列を含み得、逆転写は、異種目的配列の標的ＤＮＡへの挿入をもたらすことになる。他の実施形態では、ＲＮＡ鋳型は、欠失を標的ＤＮＡに書き込むように設計され得る。例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、所望の欠失の上流及び下流で標的ＤＮＡに一致することがあり、逆転写は、介在配列を有しない鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）からの上流及び下流配列の複製をもたらし、例えば、介在配列の欠失を引き起こすことになる。他の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、編集を標的ＤＮＡに書き込むように設計され得る。例えば、鋳型ＲＮＡは、１つ又は複数のヌクレオチドを例外として、標的ＤＮＡ配列に一致することがあり、逆転写は、標的ＤＮＡへのこれらの編集の複製をもたらし、例えば、突然変異、例えば、トランジション又はトランスバージョン突然変異をもたらすことになる。

【０９７３】

一部の実施形態では、前編集相同性ドメインは、標的核酸分子に含まれる核酸配列との１００％の配列同一性を有する核酸配列を含む。

【０９７４】

ＰＢＳ配列

一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＰＢＳ配列を含む。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、異種目的配列の３’側に配置され、本明細書に記載されるシステムによって修飾されるべき部位に隣接した配列に対して相補的であるか、又はシステム／遺伝子組換えポリペプチドによって修飾されるべき部位に隣接した配列に相補的な配列に対して、１、２、３、４若しくは５つ以下のミスマッチを含む。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、標的核酸分子中のニック部位の１、２、３、４、５、６、７、８、９若しくは１０ヌクレオチド以内に結合する。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列の標的核酸

分子への結合は、例えば、ＴＰＲＴについてのプライマーとして作用する３’相同性ドメインによる、ターゲットプライム逆転写（ＴＰＲＴ）の開始を可能にする。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、長さが、３～５、５～１０、１０～３０、１０～２５、１０～２０、１０～１９、１０～１８、１０～１７、１０～１６、１０～１５、１０～１４、１０～１３、１０～１２、１０～１１、１１～３０、１１～２５、１１～２０、１１～１９、１１～１８、１１～１７、１１～１６、１１～１５、１１～１４、１１～１３、１１～１２、１２～３０、１２～２５、１２～２０、１２～１９、１２～１８、１２～１７、１２～１６、１２～１５、１２～１４、１２～１３、１３～３０、１３～２５、１３～２０、１３～１９、１３～１８、１３～１７、１３～１６、１３～１５、１３～１４、１４～３０、１４～２５、１４～２０、１４～１９、１４～１８、１４～１７、１４～１６、１４～１５、１５～３０、１５～２５、１５～２０、１５～１９、１５～１８、１５～１７、１５～１６、１６～３０、１６～２５、１６～２０、１６～１９、１６～１８、１６～１７、１７～３０、１７～２５、１７～２０、１７～１９、１７～１８、１８～３０、１８～２５、１８～２０、１８～１９、１９～３０、１９～２５、１９～２０、２０～３０、２０～２５若しくは２５～３０ヌクレオチド、例えば長さが１０～１７、１２～１６若しくは１２～１４ヌクレオチドである。一部の実施形態では、ＰＢＳ配列は、長さが、５～２０、８～１６、８～１４、８～１３、９～１３、９～１２若しくは１０～１２ヌクレオチド、例えば長さが９～１２ヌクレオチドである。

【０９７５】

鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、標的ＤＮＡに対していくらかの相同性を有し得る。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＰＢＳ配列ドメインは、標的ＤＮＡに対するアニーリング領域として機能し得ることで、標的ＤＮＡは、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の逆転写をプライムするように位置づけられる。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、ＲＮＡの３’末端で、標的ＤＮＡと少なくとも２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７５、２００又はそれ以上の塩基の正確な相同性を有する。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、例えば、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）の５’末端で、少なくとも２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１７５、２００又はそれ以上の塩基の、標的ＤＮＡに対する少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％、９９％又は１００％の相同性を有する。

【０９７６】

誘導性活性を有するｇＲＮＡ

一部の実施形態では、本明細書に記載されるｇＲＮＡ（例えば、鋳型ＲＮＡの一部であるｇＲＮＡ又は第２の鎖ニッキングのために使用されるｇＲＮＡ）は、誘導性活性を有する。誘導性活性は、（ｇＲＮＡに加えて）ブロッキングドメインを更に含む鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡによって達成され得、ブロッキングドメインの一部又は全部の配列は、ｇＲＮＡの一部又は全部に対して、少なくとも部分的に相補的である。従って、ブロッキングドメインは、ｇＲＮＡの一部又は全部に対してハイブリダイズ又は実質的にハイブリダイズ可能である。一部の実施形態では、ブロッキングドメイン及び誘導性活性ｇＲＮＡは、鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡ上に配置されることで、ｇＲＮＡは、ブロッキングドメインがｇＲＮＡに対してハイブリダイズ又は実質的にハイブリダイズされる場合の第１の立体構造と、ブロッキングドメインがｇＲＮＡに対してハイブリダイズされない又は実質的にハイブリダイズされない場合の第２の立体構造とをとり得る。一部の実施形態では、第１の立体構造において、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、鋳型核酸結合ドメイン、ＤＮＡ結合ドメイン、又はエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質））に結合できない、又はブロッキングドメインを欠く以外には同様の鋳型ＲＮＡと比較して、実質的に減少した親和性で結合する。一部の実施形態で

は、第２の立体構造において、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチド（例えば、鋳型核酸結合ドメイン、ＤＮＡ結合ドメイン、又はエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質））に結合可能である。一部の実施形態では、ｇＲＮＡが第１又は第２の立体構造のいずれであるかは、遺伝子組換えポリペプチドの（例えば、遺伝子組換えポリペプチドが含むＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質の）ＤＮＡ結合又はエンドヌクレアーゼ活性のいずれが活性であるかに影響し得る。

【０９７７】

一部の実施形態では、第２のニックを連携させるｇＲＮＡは、誘導性活性を有する。一部の実施形態では、第２のニックを連携させるｇＲＮＡは、鋳型が逆転写された後に誘導される。一部の実施形態では、ｇＲＮＡのブロッキングドメインへのハイブリダイゼーションは、開口分子を用いて破壊され得る。一部の実施形態では、開口分子は、ｇＲＮＡ又はブロッキングドメインの一部又は全てに結合し、ｇＲＮＡのブロッキングドメインへのハイブリダイゼーションを阻害する薬剤を含む。一部の実施形態では、開口分子は、例えば、ｇＲＮＡ、ブロッキングドメイン、又は両方に対して部分的に又は全体的に相補的である配列を含む核酸を含む。適切な開口分子を選択又は設計することにより、開口分子の提供は、それがＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質と会合し、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質の関連機能（例えば、ＤＮＡ結合及び／又はエンドヌクレアーゼ活性）を提供し得るように、ｇＲＮＡの立体構造の変化を促進し得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、選択された時間及び／又は位置での開口分子の提供は、ｇＲＮＡ、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓタンパク質、又はそれらを含む遺伝子組換えシステムの活性の空間的及び時間的制御を可能にし得る。一部の実施形態では、開口分子は、遺伝子組換えポリペプチド及び／又は鋳型核酸を含む細胞に対して外因性である。一部の実施形態では、開口分子は、（例えば、遺伝子組換えポリペプチド並びに／又はｇＲＮＡ及びブロッキングドメインを含む鋳型核酸を含む細胞に対して内因性である）内因性薬剤を含む。例えば、誘導性ｇＲＮＡ、ブロッキングドメイン、及び開口分子は、開口分子が標的細胞又は組織内で発現される内因性薬剤であるように選択され得、例えば、それにより、標的細胞又は組織内での遺伝子組換えシステムの活性が確認される。更なる例として、誘導性ｇＲＮＡ、ブロッキングドメイン、及び開口分子は、開口分子が１つ又は複数の非標的細胞又は組織内で存在しないか又は実質的に発現されないように選択され得、例えば、それにより、遺伝子組換えシステムの活性は、１つ又は複数の非標的細胞又は組織内で存在しないか若しくは実質的に存在しない、又は標的細胞又は組織と比較して低下したレベルで存在することが確認される。例示的なブロッキングドメイン、開口分子、及びその使用については、ＰＣＴ出願公開の国際公開第２０２００４４０３９Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。一部の実施形態では、鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドの１つ又は複数の成分による、例えば、逆転写酵素又はＲＮＡ結合ドメインによる結合のための１つ又は複数の配列又は構造、及びｇＲＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドの鋳型核酸結合ドメイン（例えば、ＲＮＡ結合ドメイン）との相互作用を促進する。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、遺伝子組換えポリペプチドを、例えば、標的細胞ゲノム中の一致する標的配列に導く。

【０９７８】

遺伝子組換えシステムにおける環状ＲＮＡ及びリボザイム

標的細胞内での製剤化、送達又は遺伝子組換え反応中、環状及び／又は線状ＲＮＡ状態を使用することが有用であり得ると考えられる。従って、本明細書に記載の態様のいずれかの一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、１つ又は複数の環状ＲＮＡ（ｃｉｒｃＲＮＡ）を含む。本明細書に記載の態様のいずれかの一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、１つ又は複数の線状ＲＮＡを含む。一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型核酸、遺伝子組換えポリペプチド又は両方をコードする核酸分子）は、ｃｉｒｃＲＮＡである。一部の実施形態では、環状ＲＮＡ分子は、遺伝子組換えポリペプチドをコードする。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードす

るｃｉｒｃＲＮＡ分子は、宿主細胞に送達される。一部の実施形態では、環状ＲＮＡ分子は、例えば、本明細書に記載されるようなリコンビナーゼをコードする。一部の実施形態では、リコンビナーゼをコードするｃｉｒｃＲＮＡ分子は、宿主細胞に送達される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡ分子は、翻訳前に（例えば、宿主細胞内で、例えば、宿主細胞の核内で）線状化される。

【０９７９】

環状ＲＮＡ（ｃｉｒｃＲＮＡ）は、細胞内で天然に生じることが見出されており、ヒト細胞内での非コード及びタンパク質をコードする役割の両方を含む、多様な機能を有することが見出されている。ｃｉｒｃＲＮＡが、ＲＮＡの環状化をもたらすように、自己スプライシングイントロンをＲＮＡ分子（又はＲＮＡ分子をコードするＤＮＡ）に組み込むことによって改変され得、改変されたｃｉｒｃＲＮＡが、増強されたタンパク質の生成及び安定性を有し得ることが示されている（Ｗｅｓｓｅｌｈｏｅｆｔ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔｕｒｅ　Ｃｏｍｍｕｎｉｃａｔｉｏｎｓ　２０１８）。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ｃｉｒｃＲＮＡとしてコードされる。特定の実施形態では、鋳型核酸は、ｄｓＤＮＡ又はｓｓＤＮＡなどのＤＮＡである。特定の実施形態では、ｃｉｒｃＤＮＡは、鋳型ＲＮＡを含む。

【０９８０】

一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、１つ又は複数のリボザイム配列を含む。一部の実施形態では、リボザイム配列は、例えば宿主細胞内で、自己切断のため、活性化され、例えば、それにより、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化をもたらす。一部の実施形態では、リボザイムは、マグネシウムの濃度が、例えば宿主細胞内で、切断にとって十分なレベルに達するとき、活性化される。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、宿主細胞への送達の前、低いマグネシウム環境下で維持される。一部の実施形態では、リボザイムは、タンパク質応答性リボザイムである。一部の実施形態では、リボザイムは、核酸応答性リボザイムである。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、切断部位を含む。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、第２の切断部位を含む。

【０９８１】

一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡは、標的細胞の核内で線状化される。一部の実施形態では、細胞の核内でのｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、例えば、切断事象を活性化するため、細胞の核内に存在する成分に関連する。一部の実施形態では、核エレメント、例えば、核タンパク質、例えば、ゲノムと相互作用するタンパク質、例えば、エピジェネティック修飾因子、例えば、ＥＺＨ２に対して応答性がある、リボザイム、例えば、Ｂ２又はＡＬＵエレメント由来のリボザイムは、例えば、遺伝子組換えシステムの、ｃｉｒｃＲＮＡに組み込まれる。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡの核局在化は、リボザイムの自己触媒活性の増加及びｃｉｒｃＲＮＡの線状化をもたらす。

【０９８２】

一部の実施形態では、リボザイムは、遺伝子組換えシステムの他の成分の１つ又は複数に対して異種である。一部の実施形態では、誘導性リボザイム（例えば、本明細書に記載されるｃｉｒｃＲＮＡ中）は、例えば、タンパク質リガンド応答性のアプタマー設計を用いることによって合成的に作製される。ＭＳ２コートタンパク質アプタマーを有するタバコ輪斑ウイルス（ｔｏｂａｃｃｏ　ｒｉｎｇｓｐｏｔ　ｖｉｒｕｓ）ハンマーヘッド型リボザイムのサテライトＲＮＡを使用するためのシステムは、ＭＳ２コートタンパク質の存在下で、リボザイム活性の活性化をもたらすことが記載されている（Ｋｅｎｎｅｄｙ　ｅｔ　ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ　Ａｃｉｄｓ　Ｒｅｓ　４２（１９）：１２３０６－１２３２１（２０１４）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる））。複数の実施形態では、こうしたシステムは、細胞質又は核に局在されたタンパク質リガンドに応答する。一部の実施形態では、タンパク質リガンドは、ＭＳ２でない。標的リガンドに対するＲＮＡアプタマーを作製する方法は、例えば、指数関数的濃縮（ＳＥＬＥＸ）によるリガンドの系統的進化に基づき、記載されており（Ｔｕｅｒｋ　ａｎｄ　Ｇｏｌｄ，Ｓｃｉｅｎｃｅ　２４９（４９６８）：５０５－５１０（１９９０）；Ｅｌｌｉｎｇｔｏｎ　ａｎｄ　Ｓｚ

ｏｓｔａｋ，Ｎａｔｕｒｅ　３４６（６２８７）：８１８－８２２（１９９０）；それらの各々の方法は参照により本明細書に組み込まれる）、いくつかの事例では、インシリコ設計によって支援されている（Ｂｅｌｌ　ｅｔ　ａｌ．ＰＮＡＳ　１１７（１５）：８４８６－８４９３、それらの方法は参照により本明細書に組み込まれる）。従って、一部の実施形態では、標的リガンドに対するアプタマーは、合成リボザイムシステム中に作製され、組み込まれ、例えば、例えば、タンパク質リガンドの存在下で、リボザイム媒介性切断及びｃｉｒｃＲＮＡの線状化を誘起する。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、例えば、細胞質内でリガンドと会合するアプタマーを用いて、細胞質内で誘起される。一部の実施形態では、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、例えば、核内でリガンドと会合するアプタマーを用いて、核内で誘起される。複数の実施形態では、核内のリガンドは、エピジェネティック修飾因子又は転写因子を含む。一部の実施形態では、線状化を誘起するリガンドは、オンターゲット細胞内に、オフターゲット細胞より高いレベルで存在する。

【０９８３】

更に、ｃｉｒｃＲＮＡの線状化のため、核酸応答性リボザイムシステムが使用され得ると考えられる。例えば、リボザイム活性化を誘起するための、規定された標的核酸分子を感知するバイオセンサーは、例えば、Ｐｅｎｃｈｏｖｓｋｙ（Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ　Ａｄｖａｎｃｅｓ　３２（５）：１０１５－１０２７（２０１４）、参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。これらの方法により、リボザイムは、天然に不活性状態にフォールドし、規定された標的核酸分子（例えば、ＲＮＡ分子）の存在下のみで活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのｃｉｒｃＲＮＡは、規定された標的核酸、例えば、ＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ、ｍｉＲＮＡ、ガイドＲＮＡ、ｇＲＮＡ、ｓｇＲＮＡ、ｎｃＲＮＡ、ｌｎｃＲＮＡ、ｔＲＮＡ、ｓｎＲＮＡ又はｍｔＲＮＡの存在下で活性化される、核酸応答性リボザイムを含む。一部の実施形態では、線状化を誘起する核酸は、オンターゲット細胞内に、オフターゲット細胞より高いレベルで存在する。

【０９８４】

本明細書中の態様のいずれかの一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、目的の標的組織又は標的細胞に対する誘導特異性を有する１つ又は複数のリボザイム、例えば、目的の標的組織又は標的細胞においてより高いレベルで存在するリガンド又は核酸によって活性化されるリボザイムを組み込む。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、細胞内区画、例えば、核、核小体、細胞質、又はミトコンドリアに対する誘導特異性を有するリボザイムを組み込む。一部の実施形態では、リボザイムは、標的細胞内区画中により高いレベルで存在するリガンド又は核酸によって活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのＲＮＡ成分は、例えば、線状化によって活性化される、ｃｉｒｃＲＮＡとして提供される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡの線状化は、翻訳のための分子を活性化する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのｃｉｒｃＲＮＡ成分を活性化するシグナルが、オンターゲット細胞又は組織内により高いレベルで存在することで、例えば、システムは、これらの細胞内で特異的に活性化される。

【０９８５】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのＲＮＡ成分は、線状化によって不活性化されるｃｉｒｃＲＮＡとして提供される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡは、切断及び分解によって不活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｃｉｒｃＲＮＡは、翻訳シグナルをポリペプチドのコーディング配列から分離する切断によって不活性化される。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのｃｉｒｃＲＮＡ成分を不活性化するシグナルが、オフターゲット細胞又は組織内により高いレベルで存在することで、システムは、これらの細胞内で特異的に不活性化される。

【０９８６】

標的核酸部位

一部の実施形態では、遺伝子組換え後、編集された配列周囲の標的部位は、例えば、Ｋ

ａｒｓｔ　ｅｔ　ａｌ．（２０２０）ｂｉｏＲｘｉｖ　ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例として、例えば、標的部位のロングリードアンプリコン配列決定により判定して、編集事象の約５０％又は１０％未満において、限られた数の挿入又は欠失を含む。一部の実施形態では、標的部位は、例えば、Ｋａｒｓｔ　ｅｔ　ａｌ．ｂｉｏＲｘｉｖ　ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（２０２０）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、標的部位のロングリードアンプリコン配列決定により判定して、複数の連続した編集事象、例えば、ヘッドトゥーテール又はヘッドトゥヘッド重複を示さない。一部の実施形態では、標的部位は、鋳型ＲＮＡに対応する組み込まれた配列を含む。一部の実施形態では、標的部位は、例えば、Ｋａｒｓｔ　ｅｔ　ａｌ．ｂｉｏＲｘｉｖ　ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１１０１／６４５９０３（２０２０）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、例えば、標的部位のロングリードアンプリコン配列決定により判定して、事象の約１％又は１０％超において、内因性ＲＮＡから得られる挿入を含まない。一部の実施形態では、標的部位は、鋳型ＲＮＡに対応する組み込まれた配列を含む。

【０９８７】

本発明の特定の態様では、遺伝子組換えシステムによって組み込まれる宿主ＤＮＡ結合部位は、遺伝子内、イントロン内、エクソン内、ＯＲＦ内、任意の遺伝子のコード領域外、遺伝子の調節領域内、又は遺伝子の調節領域外に存在し得る。他の態様では、ポリペプチドは、１つ又は２つ以上の宿主ＤＮＡ配列に結合し得る。

【０９８８】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムを用いて、複数の対立遺伝子中の標的遺伝子座を編集する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、特定の対立遺伝子を編集するように設計される。例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、一方の対立遺伝子上のみに存在する特定の配列に導かれ得、例えば、標的対立遺伝子、例えば、第２のコグネイト対立遺伝子に対してではなく、ｇＲＮＡ又はアニーリングドメインに対して相同性を有する鋳型ＲＮＡを含む。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、ハプロタイプに特異的な対立遺伝子を改変し得る。一部の実施形態では、特定の対立遺伝子を標的にする遺伝子組換えシステムは、その対立遺伝子を優先的に標的にし、例えば、標的対立遺伝子に対する少なくとも２、４、６、８、又は１０倍の優先性を有する。

【０９８９】

第２の鎖ニッキング

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムは、第１の鎖に切れ目を入れるニッカーゼ活性（例えば、遺伝子組換えポリペプチド中）、及び標的ＤＮＡの第２の鎖に切れ目を入れるニッカーゼ活性（例えば、遺伝子組換えポリペプチドと別個のポリペプチド中）を含む。本明細書に記載されるように、特定の理論に束縛されることを意図しないが、標的部位ＤＮＡの第１の鎖のニッキングは、鋳型ＲＮＡの配列、例えば、異種目的配列を逆転写するために、ＲＴドメインによって使用され得る３’ＯＨを提供すると考えられる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、更なるニックの第２の鎖への導入が、元のゲノム配列より高頻度で異種目的配列ベースの配列をとるように細胞ＤＮＡ修復機構をバイアスし得ると考えられる。一部の実施形態では、第２の鎖に対する更なるニックが、第１の鎖に対するニックとして同じエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼドメイン）によって作製される。一部の実施形態では、同じ遺伝子組換えポリペプチドは、第１の鎖に対するニック及び第２の鎖に対するニックの両方の機能を果たす。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含み、第２の鎖に対する更なるニックは、例えば、第２の鎖に切れ目を入れるようにＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを導く第２のｇＲＮＡを含む更なる核酸によって導かれる。他の実施形態では、更なる第２の鎖ニックは、第１の鎖に対するニックと異なるエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼドメイン）によって作製される。一部の実施形態では、その異なるエンドヌクレアーゼドメインは、遺伝子組換えポリペプチドと別個に

、更なるポリペプチド中に位置する（例えば、本発明のシステムは、更なるポリペプチドを更に含む）。一部の実施形態では、更なるポリペプチドは、本明細書に記載されるエンドヌクレアーゼドメイン（例えば、ニッカーゼドメイン）を含む。一部の実施形態では、更なるポリペプチドは、例えば、本明細書に記載されるＤＮＡ結合ドメインを含む。

【０９９０】

第１の鎖ニックと比較して、第２の鎖ニックが生じる位置は、所望の遺伝子組換えＤＮＡ修飾が得られる範囲、望まれない二本鎖切断（ＤＳＢ）が生じる範囲、望まれない挿入が生じる範囲、又は望まれない欠失が生じる範囲の１つ又は複数に影響し得ることは、本明細書で企図される。特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニッキングは、２つの一般的な方向性：内向きニック（ｉｎｗａｒｄ　ｎｉｃｋ）及び外向きニック（ｏｕｔｗａｒｄ　ｎｉｃｋ）において生じ得る。

【０９９１】

一部の実施形態では、内向きニック方向性において、ＲＴドメインは、第２の鎖ニックから離れて（例えば、鋳型ＲＮＡ（例えば、異種目的配列）を用いて）重合する。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第１の鎖に対するニックの位置及び第２の鎖に対するニックの位置は、第１のＰＡＭ部位と第２のＰＡＭ部位との間に位置づけられる（例えば、両方のニックが、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含むポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド）によって作製される状況で）。外側に２つのＰＡＭが存在し、内側に２つのニックが存在する場合、この内向きニック方向性は、「ＰＡＭ－アウト」とも呼ばれ得る。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第１の鎖に対するニックの位置及び第２の鎖に対するニックの位置は、ポリペプチドが標的ＤＮＡに結合する部位と更なるポリペプチドが標的ＤＮＡに結合する部位との間に存在する。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第２の鎖に対するニックの位置は、ポリペプチド及び更なるポリペプチドの結合部位間に位置づけられ、第１の鎖に対するニックも、ポリペプチド及び更なるポリペプチドの結合部位間に位置する。一部の実施形態では、内向きニック方向性において、第１の鎖に対するニックの位置及び第２の鎖に対するニックの位置は、ＰＡＭ部位と、標的部位から距離を置いた第２のポリペプチドの結合部位との間に位置づけられる。

【０９９２】

内向きニック方向性を提供する遺伝子組換えシステムの例は、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、第１の鎖上の標的部位ＤＮＡのニッキングを導くｇＲＮＡを含む鋳型ＲＮＡ、及び第１のニックの位置から距離を置いた部位でニッキングを導く更なるｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、２つのｇＲＮＡが遺伝子組換えポリペプチドを導く部位のＰＡＭ部位間に存在する。更なる例として、内向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む更なるポリペプチド、及び第２の鎖上の標的部位ＤＮＡから距離を置いた部位に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導くｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；第１のニックの位置及び第２のニックの位置が、ＰＡＭ部位とジンクフィンガー分子が結合する部位との間に存在する。更なる例として、内向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＴＡＬエフェクター分子及び第２のニッカーゼドメインを含む更なるポリペプチドを含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；ここで、ＴＡＬエフェクター分子は、第２の鎖に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導く様式で標的部位から距離を置いた部位に結合し、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、ＴＡＬエフェクター分子が結合する部位とジンクフィンガー分子が結合する部位との間に存在する。

【０９９３】
一部の実施形態では、外向きニック方向性において、ＲＴドメインは、（例えば、鋳型ＲＮＡ（例えば、異種目的配列）を用いて）第２の鎖ニックに向けて重合する。一部の実施形態では、外向きニック方向性において、第１及び第２のニックの両方がＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含むポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド）によって作製される場合、第１のＰＡＭ部位及び第２のＰＡＭ部位は、第１の鎖に対するニックの位置と第２の鎖に対するニックの位置との間に位置づけられる。内側に２つのＰＡＭが存在し、外側に２つのニックが存在する場合、この外向きニック方向性は、「ＰＡＭ－イン」とも呼ばれる。一部の実施形態では、外向きニック方向性において、ポリペプチド（例えば、遺伝子組換えポリペプチド）及び更なるポリペプチドは、第１の鎖に対するニックの位置と第２の鎖に対するニックの位置との間の標的ＤＮＡ上の部位に結合する。一部の実施形態では、外向きニック方向性において、第２の鎖に対するニックの位置は、第１の鎖に対するニックの位置に対する、ポリペプチド及び更なるポリペプチドの結合部位の反対側に位置づけられる。一部の実施形態では、外向き方向性において、ＰＡＭ部位及び標的部位から距離を置いた第２のポリペプチドの結合部位は、第１の鎖に対するニックの位置と第２の鎖に対するニックの位置との間に位置づけられる。

【０９９４】
外向きニック方向性を提供する遺伝子組換えシステムの例は、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、第１の鎖上の標的部位ＤＮＡのニッキングを導くｇＲＮＡを含む鋳型ＲＮＡ、及び第１のニックの位置から距離を置いた部位でニッキングを導く更なるｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、２つのｇＲＮＡが遺伝子組換えポリペプチドを導く部位のＰＡＭ部位外側に存在する（すなわち、ＰＡＭ部位は、第１のニックの位置と第２のニックの位置との間に存在する）。更なる例として、外向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＣＲＩＳＰＲ／Ｃａｓドメインを含む更なるポリペプチド並びに第２の鎖上の標的部位ＤＮＡから距離を置いた部位に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導くｇＲＮＡを含む更なる核酸を含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、ＰＡＭ部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位の外側に存在する（すなわち、ＰＡＭ部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位は、第１のニックの位置と第２のニックの位置との間に存在する）。更なる例として、外向きニック方向性を提供する別の遺伝子組換えシステムは、ジンクフィンガー分子及び第１のニッカーゼドメインを含む遺伝子組換えポリペプチド、ＴＡＬエフェクター分子及び第２のニッカーゼドメインを含む更なるポリペプチドを含み、ここで、ジンクフィンガー分子は、標的部位の第１の鎖に切れ目を入れるように第１のニッカーゼドメインを導く様式で標的ＤＮＡに結合し；ここで、ＴＡＬエフェクター分子は、第２の鎖に切れ目を入れるように更なるポリペプチドを導く様式で標的部位から距離を置いた部位に結合し、第１のニックの位置及び第２のニックの位置は、ＴＡＬエフェクター分子が結合する部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位の外側に存在する（すなわち、ＴＡＬエフェクター分子が結合する部位及びジンクフィンガー分子が結合する部位は、第１のニックの位置と第２のニックの位置との間に存在する）。

【０９９５】
特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニックが提供される遺伝子組換えシステムの場合、外向きニック方向性が一部の実施形態において好ましいと考えられる。本明細書に記載のように、内向きニックは、外向きニック方向性より多い数の二本鎖切断（ＤＳＢ）を生成し得る。ＤＳＢは、細胞の核内のＤＳＢ修復経路によって認識され得、望まれない挿入及び欠失を生じ得る。外向きニック方向性は、ＤＳＢ形成のリスク低減、及び対応するより少量の望まれない挿入及び欠失を提供し得る。一部の実施形態では、望まれない挿入及び欠失は、異種目的配列によってコードされない挿入及び欠失、例えば

、異種目的配列によってコードされる修飾と無関係の二本鎖切断修復経路によって生成される挿入又は欠失である。一部の実施形態では、所望の遺伝子組換えは、異種目的配列によってコードされる（例えば、異種目的配列を標的部位に書き込む遺伝子組換えによって達成される）標的ＤＮＡに対する改変（例えば、置換、挿入、又は欠失）を含む。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、外向きの方向性である。

【０９９６】

更に、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離は、所望の遺伝子組換えシステムＤＮＡ修飾が得られる範囲、望まれない二本鎖切断（ＤＳＢ）が生じる範囲、望まれない挿入が生じる範囲、又は望まれない欠失が生じる範囲の１つ又は複数に影響し得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニックは、異種目的配列の標的ＤＮＡへの組み込みに向けてＤＮＡ修復をバイアスすることが、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の減少に応じて増加することから有利であると考えられる。しかしながら、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の減少に応じてＤＳＢ形成のリスクも増加すると考えられる。それに応じて、望まれない挿入及び／又は欠失の数が、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の減少に応じて増加し得ると考えられる。一部の実施形態では、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離は、異種目的配列の標的ＤＮＡへの組み込みに向けてＤＮＡ修復をバイアスする利点と、ＤＳＢ形成及び望まれない欠失及び／又は挿入のリスクとを均衡させるように選択される。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックが少なくとも閾値距離離れている場合のシステムは、第１のニック及び第２のニックが閾値距離未満離れている場合のそれ以外には同様の内向きニック方向性システムと比較して、所望の遺伝子組換えシステム修飾結果のレベル増加、望まれない欠失のレベル低下、及び／又は望まれない挿入のレベル低下を有する。一部の実施形態では、閾値距離は、以下に与えられる。

【０９９７】

一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、少なくとも２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０若しくは２００ヌクレオチド離れている。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、２５、３０、３５、４０、４５、５０、５５、６０、６５、７０、７５、８０、８５、９０、９５、１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０、２００若しくは２５０ヌクレオチド以下離れている。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、２０～２００、３０～２００、４０～２００、５０～２００、６０～２００、７０～２００、８０～２００、９０～２００、１００～２００、１１０～２００、１２０～２００、１３０～２００、１４０～２００、１５０～２００、１６０～２００、１７０～２００、１８０～２００、１９０～２００、２０～１９０、３０～１９０、４０～１９０、５０～１９０、６０～１９０、７０～１９０、８０～１９０、９０～１９０、１００～１９０、１１０～１９０、１２０～１９０、１３０～１９０、１４０～１９０、１５０～１９０、１６０～１９０、１７０～１９０、１８０～１９０、２０～１８０、３０～１８０、４０～１８０、５０～１８０、６０～１８０、７０～１８０、８０～１８０、９０～１８０、１００～１８０、１１０～１８０、１２０～１８０、１３０～１８０、１４０～１８０、１５０～１８０、１６０～１８０、１７０～１８０、２０～１７０、３０～１７０、４０～１７０、５０～１７０、６０～１７０、７０～１７０、８０～１７０、９０～１７０、１００～１７０、１１０～１７０、１２０～１７０、１３０～１７０、１４０～１７０、１５０～１７０、１６０～１７０、２０～１６０、３０～１６０、４０～１６０、５０～１６０、６０～１６０、７０～１６０、８０～１６０、９０～１６０、１００～１６０、１１０～１６０、１２０～１６０、１３０～１６０、１４０～１６０、１５０～１６０、２０～１５０、３０～１５０、４０～１５０、５０～１５０、６０～１５０、７０～１５０、８０～１５０、９０～１５０、１００～１５０、１１０～１５０、１２０～１５０、１３０～１５０、１４０～１５０、２０～１４０、３０～１４０、４０～１４０、５０～１４０、６０～１４０、７０～１４０、８０～

１４０、９０～１４０、１００～１４０、１１０～１４０、１２０～１４０、１３０～１４０、２０～１３０、３０～１３０、４０～１３０、５０～１３０、６０～１３０、７０～１３０、８０～１３０、９０～１３０、１００～１３０、１１０～１３０、１２０～１３０、２０～１２０、３０～１２０、４０～１２０、５０～１２０、６０～１２０、７０～１２０、８０～１２０、９０～１２０、１００～１２０、１１０～１２０、２０～１１０、３０～１１０、４０～１１０、５０～１１０、６０～１１０、７０～１１０、８０～１１０、９０～１１０、１００～１１０、２０～１００、３０～１００、４０～１００、５０～１００、６０～１００、７０～１００、８０～１００、９０～１００、２０～９０、３０～９０、４０～９０、５０～９０、６０～９０、７０～９０、８０～９０、２０～８０、３０～８０、４０～８０、５０～８０、６０～８０、７０～８０、２０～７０、３０～７０、４０～７０、５０～７０、６０～７０、２０～６０、３０～６０、４０～６０、５０～６０、２０～５０、３０～５０、４０～５０、２０～４０、３０～４０若しくは２０～３０ヌクレオチド離れている。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックは、４０～１００ヌクレオチド離れている。

【０９９８】

特定の理論に束縛されることを意図しないが、第２の鎖ニックが提供され、且つ内向きニック方向性が選択される遺伝子組換えシステムの場合、第１の鎖ニックと第２の鎖ニックとの間の距離の増加が好ましいことがあると考えられる。本明細書に記載のように、内向きニック方向性は、外向きニック方向性よりも多い数のＤＳＢを生成し得、外向きニック方向性よりも多い量の望まれない挿入及び欠失をもたらし得るが、ニック間の距離の増加が、ＤＳＢ、望まれない欠失、及び／又は望まれない挿入のそうした増加を緩和し得る。一部の実施形態では、第１のニック及び第２のニックが少なくとも閾値距離離れている場合の内向きニック方向性は、第１のニック及び第２のニックが閾値距離未満離れている場合のそれ以外には同様の内向きニック方向性システムと比較して、所望の遺伝子組換えシステム修飾結果のレベル増加、望まれない欠失のレベル低下、及び／又は望まれない挿入のレベル低下を有する。一部の実施形態では、閾値距離は、以下に与えられる。

【０９９９】

一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、内向き方向性である。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、内向き方向性であり、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、少なくとも１００、１１０、１２０、１３０、１４０、１５０、１６０、１７０、１８０、１９０、２００、２２０、２４０、２６０、２８０、３００、３５０、４００、４５０若しくは５００ヌクレオチド離れており、例えば、少なくとも１００ヌクレオチド離れている（及び任意選択で５００、４００、３００、２００、１９０、１８０、１７０、１６０、１５０、１４０、１３０若しくは１２０ヌクレオチド以下離れている）。一部の実施形態では、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、内向き方向性であり、第１の鎖ニック及び第２の鎖ニックは、１００～２００、１１０～２００、１２０～２００、１３０～２００、１４０～２００、１５０～２００、１６０～２００、１７０～２００、１８０～２００、１９０～２００、１００～１９０、１１０～１９０、１２０～１９０、１３０～１９０、１４０～１９０、１５０～１９０、１６０～１９０、１７０～１９０、１８０～１９０、１００～１８０、１１０～１８０、１２０～１８０、１３０～１８０、１４０～１８０、１５０～１８０、１６０～１８０、１７０～１８０、１００～１７０、１１０～１７０、１２０～１７０、１３０～１７０、１４０～１７０、１５０～１７０、１６０～１７０、１００～１６０、１１０～１６０、１２０～１６０、１３０～１６０、１４０～１６０、１５０～１６０、１００～１５０、１１０～１５０、１２０～１５０、１３０～１５０、１４０～１５０、１００～１４０、１１０～１４０、１２０～１４０、１３０～１４０、１００～１３０、１１０～１３０、１２０～１３０、１００～１２０、１１０～１２０若しくは１００～１１０ヌクレオチド離れている。

【１０００】

化学修飾核酸及び核酸末端の特徴

本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型核酸、例えば、鋳型ＲＮＡ；又は遺伝子組換

えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ｍＲＮＡ）；又はｇＲＮＡ）は、非修飾又は修飾核酸塩基を含み得る。天然に存在するＲＮＡは、４つの塩基性リボヌクレオチド：ＡＴＰ、ＣＴＰ、ＵＴＰ及びＧＴＰから合成されるが、転写後修飾ヌクレオチドを含み得る。更に、ＲＮＡにおいて、約１００の異なるヌクレオシド修飾が同定されている（Ｒｏｚｅｎｓｋｉ，Ｊ，Ｃｒａｉｎ，Ｐ，ａｎｄ　ＭｃＣｌｏｓｋｅｙ，Ｊ．（１９９９）．Ｔｈｅ　ＲＮＡ　Ｍｏｄｉｆｉｃａｔｉｏｎ　Ｄａｔａｂａｓｅ：１９９９　ｕｐｄａｔｅ．Ｎｕｃｌ　Ａｃｉｄｓ　Ｒｅｓ　２７：１９６－１９７）。ＲＮＡは、天然に存在しない、全体的に合成のヌクレオチドも含み得る。

【１００１】

一部の実施形態では、化学修飾は、国際公開第２０１６／１８３４８２号パンフレット、米国特許出願公開第２００９０２８６８５２号明細書、国際特許の国際公開第２０１２／０１９１６８号パンフレット、国際公開第２０１２／０４５０７５号パンフレット、国際公開第２０１２／１３５８０５号パンフレット、国際公開第２０１２／１５８７３６号パンフレット、国際公開第２０１３／０３９８５７号パンフレット、国際公開第２０１３／０３９８６１号パンフレット、国際公開第２０１３／０５２５２３号パンフレット、国際公開第２０１３／０９０６４８号パンフレット、国際公開第２０１３／０９６７０９号パンフレット、国際公開第２０１３／１０１６９０号パンフレット、国際公開第２０１３／１０６４９６号パンフレット、国際公開第２０１３／１３０１６１号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６９号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１７３６号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６７２号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６４号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６５号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６８号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６７１号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６７号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６７０号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６６号パンフレット、国際公開第２０１３／１５１６６３号パンフレット、国際公開第２０１４／０２８４２９号パンフレット、国際公開第２０１４／０８１５０７号パンフレット、国際公開第２０１４／０９３９２４号パンフレット、国際公開第２０１４／０９３５７４号パンフレット、国際公開第２０１４／１１３０８９号パンフレット、国際公開第２０１４／１４４７１１号パンフレット、国際公開第２０１４／１４４７６７号パンフレット、国際公開第２０１４／１４４０３９号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２５４０号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２０３０号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２０３１号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２０２７号パンフレット、国際公開第２０１４／１５２２１１号パンフレット、国際公開第２０１４／１５８７９５号パンフレット、国際公開第２０１４／１５９８１３号パンフレット、国際公開第２０１４／１６４２５３号パンフレット、国際公開第２０１５／００６７４７号パンフレット、国際公開第２０１５／０３４９２８号パンフレット、国際公開第２０１５／０３４９２５号パンフレット、国際公開第２０１５／０３８８９２号パンフレット、国際公開第２０１５／０４８７４４号パンフレット、国際公開第２０１５／０５１２１４号パンフレット、国際公開第２０１５／０５１１７３号パンフレット、国際公開第２０１５／０５１１６９号パンフレット、国際公開第２０１５／０５８０６９号パンフレット、国際公開第２０１５／０８５３１８号パンフレット、国際公開第２０１５／０８９５１１号パンフレット、国際公開第２０１５／１０５９２６号パンフレット、国際公開第２０１５／１６４６７４号パンフレット、国際公開第２０１５／１９６１３０号パンフレット、国際公開第２０１５／１９６１２８号パンフレット、国際公開第２０１５／１９６１１８号パンフレット、国際公開第２０１６／０１１２２６号パンフレット、国際公開第２０１６／０１１２２２号パンフレット、国際公開第２０１６／０１１３０６号パンフレット、国際公開第２０１６／０１４８４６号パンフレット、国際公開第２０１６／０２２９１４号パンフレット、国際公開第２０１６／０３６９０２号パンフレット、国際公開第２０１６／０７７１２５号パンフレット、又は国際公開第２０１６／０７７１２３号パンフレット（それらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に提供されるものである。化学修飾ヌクレオチドのポリ

ヌクレオチドへの組み込みが、ヌクレオチド中の修飾の位置に応じて、核酸塩基、バックボーン、又は両方に組み込まれている修飾を生じ得ることが理解される。一部の実施形態では、バックボーン修飾は、欧州特許第２８１３５７０号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に提供されるものである。一部の実施形態では、修飾キャップは、米国特許出願公開第２００５０２８７５３９号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に提供されるものである。

【１００２】

一部の実施形態では、化学修飾核酸（例えば、ＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）は、ＡＲＣＡ：アンチリバースキャップ類似体（ｍ２７．３’－ＯＧＰ３Ｇ）、ＧＰ３Ｇ（非メチル化キャップ類似体）、ｍ７ＧＰ３Ｇ（モノメチル化キャップ類似体）、ｍ３２．２．７ＧＰ３Ｇ（トリメチル化キャップ類似体）、ｍ５ＣＴＰ（５’－メチル－シチジン三リン酸）、ｍ６ＡＴＰ（Ｎ６－メチル－アデノシン－５’－三リン酸）、ｓ２ＵＴＰ（２－チオ－ウリジン三リン酸）、及びΨ（プソイドウリジン三リン酸）の１つ又は複数を含む。

【１００３】

一部の実施形態では、化学修飾核酸は、５’キャップ、例えば：７－メチルグアノシンキャップ（例えば、Ｏ－Ｍｅ－ｍ７Ｇキャップ）；過剰メチル化キャップ類似体；ＮＡＤ＋由来のキャップ類似体（例えば、Ｋｉｌｅｄｊｉａｎ，Ｔｒｅｎｄｓ ｉｎ Ｃｅｌｌ Ｂｉｏｌｏｇｙ ２８，４５４－４６４（２０１８）に記載のもの）；又は修飾、例えば、ビオチン化されたキャップ類似体（例えば、Ｂｅｄｎａｒｅｋ ｅｔ ａｌ．，Ｐｈｉｌ Ｔｒａｎｓ Ｒ Ｓｏｃ Ｂ ３７３，２０１８０１６７（２０１８）に記載のもの）を含む。

【１００４】

一部の実施形態では、化学修飾核酸は、ポリＡテール；不対の５ヌクレオチドによって隣接された１６ヌクレオチド長のステム－ループ構造（例えば、Ｍａｎｎｉｒｏｎｉ ｅｔ ａｌ．，Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄ Ｒｅｓｅａｒｃｈ １７，９１１３－９１２６（１９８９）に記載のもの）；三重らせん構造（例えば、Ｂｒｏｗｎ ｅｔ ａｌ．，ＰＮＡＳ １０９，１９２０２－１９２０７（２０１２）に記載のもの）；ｔＲＮＡ、ＹＲＮＡ若しくはヴォールトＲＮＡ構造（例えば、Ｌａｂｎｏ ｅｔ ａｌ．，Ｂｉｏｃｈｅｍｉｃａ ｅｔ Ｂｉｏｐｈｙｓｉｃａ Ａｃｔａ １８６３，３１２５－３１４７（２０１６）に記載のもの）；１つ又は複数のデオキシリボヌクレオチド三リン酸（ｄＮＴＰｓ）、２’Ｏ－メチル化ＮＴＰ若しくはホスホロチオエート－ＮＴＰの組み込み；単一のヌクレオチド化学修飾（例えば、３’末端リボースの反応性アルデヒドへの酸化とその後のアルデヒド反応性修飾ヌクレオチドのコンジュゲーション）；又は別の核酸分子への化学ライゲーションの１つ又は複数から選択される３’の特徴を含む。

【１００５】

一部の実施形態では、核酸（例えば、鋳型核酸）は、例えば、ジヒドロウリジン、イノシン、７－メチルグアノシン、５－メチルシチジン（５ｍＣ）、５’リン酸リボチミジン、２’－Ｏ－メチルリボチミジン、２’－Ｏ－エチルリボチミジン、２’－フルオロリボチミジン、Ｃ－５プロピニル－デオキシシチジン（ｐｄＣ）、Ｃ－５プロピニル－デオキシウリジン（ｐｄＵ）、Ｃ－５プロピニル－シチジン（ｐＣ）、Ｃ－５プロピニル－ウリジン（ｐＵ）、５－メチルシチジン、５－メチルウリジン、５－メチルデオキシシチジン、５－メチルデオキシウリジンメトキシ、２，６－ジアミノプリン、５’－ジメトキシトリチル－Ｎ４－エチル－２’－デオキシシチジン、Ｃ－５プロピニル－ｆ－シチジン（ｐｆＣ）、Ｃ－５プロピニル－ｆ－ウリジン（ｐｆＵ）、５－メチルｆ－シチジン、５－メチルｆ－ウリジン、Ｃ－５プロピニル－ｍ－シチジン（ｐｍＣ）、Ｃ－５プロピニル－ｆ－ウリジン（ｐｍＵ）、５－メチルｍ－シチジン、５－メチルｍ－ウリジン、ＬＮＡ（ロックド核酸）、ＭＧＢ（副溝結合剤）プソイドウリジン（Ψ）、１－Ｎ－メチルプソイドウリジン（１－Ｍｅ－Ψ）、又は５－メトキシウリジン（５－ＭＯ－Ｕ）から選択される１つ又は複数の修飾ヌクレオチドを含む。

【１００６】

一部の実施形態では、核酸は、バックボーン修飾、例えば、バックボーン中の糖又はリン酸基に対する修飾を含む。一部の実施形態では、核酸は、核酸塩基修飾を含む。

【１００７】

一部の実施形態では、核酸は、表１３の１つ又は複数の化学修飾ヌクレオチド、表１４の１つ又は複数の化学バックボーン修飾、表１５の１つ又は複数の化学修飾キャップを含む。例えば、一部の実施形態では、核酸は、２つ以上（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０又はそれ以上）の異なるタイプの化学修飾を含む。例として、核酸は、例えば、本明細書に記載の、例えば、表１３中の２つ以上（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０又はそれ以上）の異なるタイプの修飾核酸塩基を含み得る。代替的に又は組み合わせて、核酸は、例えば、本明細書に記載の、例えば、表１４中の２つ以上（例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０又はそれ以上）の異なるタイプのバックボーン修飾を含み得る。代替的に又は組み合わせて、核酸は、例えば、本明細書に記載の、例えば、表１５中の１つ又は複数の修飾キャップを含み得る。例えば、一部の実施形態では、核酸は、１つ若しくは複数のタイプの修飾核酸塩基及び１つ若しくは複数のタイプのバックボーン修飾；１つ若しくは複数のタイプの修飾核酸塩基及び１つ若しくは複数の修飾キャップ；１つ若しくは複数のタイプの修飾キャップ及び１つ若しくは複数のタイプのバックボーン修飾；又は１つ若しくは複数のタイプの修飾核酸塩基、１つ若しくは複数のタイプのバックボーン修飾、及び１つ若しくは複数のタイプの修飾キャップを含む。

【１００８】

一部の実施形態では、核酸は、１つ又は複数（例えば、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、２０、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、６００、７００、８００、９００、１０００、又はそれ以上）の修飾核酸塩基を含む。一部の実施形態では、核酸の全ての核酸塩基が修飾される。一部の実施形態では、核酸は、バックボーン中の１つ又は複数（例えば、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、２０、３０、４０、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、６００、７００、８００、９００、１０００、又はそれ以上）の位置で修飾される。一部の実施形態では、核酸の全てのバックボーン位置が修飾される。

【１００９】

【表１３－１】

表 13. 修飾ヌクレオチド

| | |
|---|---|
| 5-アザ-ウリジン | N2-メチル-6-チオ-グアノシン |
| 2-チオ-5-アザ-ミジン | N2,N2-ジメチル-6-チオ-グアノシン |
| 2-チオウリジン | ピリジン-4-オンリボヌクレオシド |
| 4-チオ-プソイドウリジン | 2-チオ-5-アザ-ウリジン |
| 2-チオ-プソイドウリジン | 2-チオミジン(thiomidine) |
| 5-ヒドロキシウリジン | 4-チオ-プソイドミジン(pseudomidine) |
| 3-メチルウリジン | 2-チオ-プソイドウィジン(pseudowidine) |
| 5-カルボキシメチル-ウリジン | 3-メチルミジン |
| 1-カルボキシメチル-プソイドウリジン | 1-プロピニル-プソイドミジン |
| 5-プロピニル-ウリジン | 1-メチル-1-デアザ-プソイドミジン |
| 1-プロピニル-プソイドウリジン | 2-チオ-1-メチル-1-デアザ-プソイドウリジン |
| 5-タウリノメチルウリジン | 4-メトキシ-プソイドミジン |
| 1-タウリノメチル-プソイドウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-アデノシン |
| 5-タウリノメチル-2-チオ-ウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-シチジン |
| 1-タウリノメチル-4-チオ-ウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-グアノシン |
| 5-メチル-ウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-ウリジン |
| 1-メチル-プソイドウリジン | 5'-O-(1-チオホスフェート)-プソイドウリジン |
| 4-チオ-1-メチル-プソイドウリジン | 2'-O-メチル-アデノシン |
| 2-チオ-1-メチル-プソイドウリジン | 2'-O-メチル-シチジン |
| 1-メチル-1-デアザ-プソイドウリジン | 2'-O-メチル-グアノシン |
| 2-チオ-1-メチル-1-デアザ-プソイドミジン | 2'-O-メチル-ウリジン |
| ジヒドロウリジン | 2'-O-メチル-プソイドウリジン |
| ジヒドロプソイドウリジン | 2'-O-メチル-イノシン |
| 2-チオ-ジヒドロミジン | 2-メチルアデノシン |
| 2-チオ-ジヒドロプソイドウリジン | 2-メチルチオ-N6-メチルアデノシン |
| 2-メトキシウリジン | 2-メチルチオ-N6 イソペンテニルアデノシン |
| 2-メトキシ-4-チオ-ウリジン | 2-メチルチオ-N6-(cis-ヒドロキシイソペンテニル)アデノシン |
| 4-メトキシ-プソイドウリジン | N6-メチル-N6-トレオニルカルバモイルアデノシン |
| 4-メトキシ-2-チオ-プソイドウリジン | N6-ヒドロキシノルバリルカルバモイルアデノシン |
| 5-アザ-シチジン | 2-メチルチオ-N6-ヒドロキシノルバリルカルバモイルアデノシン |
| プソイドイソシチジン | |
| 3-メチル-シチジン | |

【１０１０】

【表１３－２】

| | |
|---|---|
| N4-アセチルシチジン | 2'-O-リボシルアデノシン(ホスフェート) |
| 5-ホルミルシチジン | 1,2'-O-ジメチルイノシン |
| N4-メチルシチジン | 5,2'-O-ジメチルシチジン |
| 5-ヒドロキシメチルシチジン | N4-アセチル-2'-O-メチルシチジン |
| 1-メチル-プソイドイソシチジン | ライシジン |
| ピロロ-シチジン | 7-メチルグアノシン |
| ピロロ-プソイドイソシチジン | N2,2'-O-ジメチルグアノシン |
| 2-チオ-シチジン | N2,N2,2'-O-トリメチルグアノシン |
| 2-チオ-5-メチル-シチジン | 2'-O-リボシルグアノシン(ホスフェート) |
| 4-チオ-プソイドイソシチジン | ワイブトシン |
| 4-チオ-1-メチル-プソイドイソシチジン | ペルオキシワイブトシン |
| 4-チオ-1-メチル-1-デアザ-プソイドイソシチジン | ヒドロキシワイブトシン |
| 1-メチル-1-デアザ-プソイドイソシチジン | 未修飾ヒドロキシワイブトシン |
| ゼブラリン | メチルワイオシン |
| 5-アザ-ゼブラリン | キューオシン |
| 5-メチル-ゼブラリン | エポキシキューオシン |
| 5-アザ-2-チオ-ゼブラリン | ガラクトシル-キューオシン |
| 2-チオ-ゼブラリン | マンノシル-キューオシン |
| 2-メトキシ-シチジン | 7-シアノ-7-デアザグアノシン |
| 2-メトキシ-5-メチル-シチジン | 7-アミノメチル-7-デアザグアノシン |
| 4-メトキシ-プソイドイソシチジン | アーキオシン |
| 4-メトキシ-1-メチル-プソイドイソシチジン | 5,2'-O-ジメチルウリジン |
| 2-アミノプリン | 4-チオウリジン |
| 2,6-ジアミノプリン | 5-メチル-2-チオウリジン |
| 7-デアザ-アデニン | 2-チオ-2'-O-メチルウリジン |
| 7-デアザ-8-アザ-アデニン | 3-(3-アミノ-3-カルボキシプロピル)ウリジン |
| 7-デアザ-2-アミノプリン | 5-メトキシウリジン |
| 7-デアザ-8-アザ-2-アミノプリン | ウリジン 5-オキシ酢酸 |
| 7-デアザ-2,6-ジアミノプリン | ウリジン 5-オキシ酢酸メチルエステル |
| 7-デアザ-8-アザ-2,6-ジアミノプリン | 5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジン) |
| 1-メチルアデノシン | 5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジンメチルエステル |
| N6-イソペンテニルアデノシン | |
| N6-(cis-ヒドロキシイソペンテニル)アデノシン | 5-メトキシカルボニルメチルウリジン |
| 2-メチルチオ-N6-(cis-ヒドロキシイソペンテニル) アデノシン | 5-メトキシカルボニルメチル-2'-O-メチルウリジン |
| | 5-メトキシカルボニルメチル-2-チオウリジン |
| N6-グリシニルカルバモイルアデノシン | 5-アミノメチル-2-チオウリジン |

【１０１１】

【表１３－３】

| | |
|---|---|
| N6-トレオニルカルバモイルアデノシン | 5-メチルアミノメチルウリジン |
| 2-メチルチオ-N6-トレオニルカルバモイルアデノシン | 5-メチルアミノメチル-2-チオウリジン |
| | 5-メチルアミノメチル-2-セレノウリジン |
| N6,N6-ジメチルアデノシン | 5-カルバモイルメチルウリジン |
| 7-メチルアデニン | 5-カルバモイルメチル-2'-O-メチルウリジン |
| 2-メチルチオ-アデニン | 5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン |
| 2-メトキシ-アデニン | 5-カルボキシメチルアミノメチル-2'-O-メチルウリジン |
| イノシン | 5-カルボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン |
| 1-メチル-イノシン | N4,2'-O-ジメチルシチジン |
| ワイオシン | 5-カルボキシメチルウリジン |
| ワイブトシン | N6,2'-O-ジメチルアデノシン |
| 7-デアザ-グアノシン | N,N6,O-2'-トリメチルアデノシン |
| 7-デアザ-8-アザ-グアノシン | N2,7-ジメチルグアノシン |
| 6-チオ-グアノシン | N2,N2,7-トリメチルグアノシン |
| 6-チオ-7-デアザ-グアノシン | 3,2'-O-ジメチルウリジン |
| 6-チオ-7-デアザ-8-アザ-グアノシン | 5-メチルジヒドロウリジン |
| 7-メチル-グアノシン | 5-ホルミル-2'-O-メチルシチジン |
| 6-チオ-7-メチル-グアノシン | 1,2'-O-ジメチルグアノシン |
| 7-メチルイノシン | 4-デメチルワイオシン |
| 6-メトキシ-グアノシン | イソワイオシン |
| 1-メチルグアノシン | N6-アセチルアデノシン |
| N2-メチルグアノシン | |
| N2,N2-ジメチルグアノシン | |
| 8-オキソ-グアノシン | |
| 7-メチル-8-オキソ-グアノシン | |
| 1-メチル-6-チオ-グアノシン | |

【１０１２】

【表１４】

**表 14. 骨格修飾**

| |
|---|
| 2'-O-メチル骨格 |
| ペプチド核酸 (PNA)骨格 |
| ホスホロチオエート骨格 |
| モルホリノ骨格 |
| カルバメート骨格 |
| シロキサン骨格 |
| スルフィド骨格 |
| スルホキシド骨格 |
| スルホン骨格 |
| ホルムアセチル骨格 |
| チオホルムアセチル骨格 |
| メチレンホルムアセチル骨格 |
| リボアセチル骨格 |
| アルケン含有骨格 |
| スルファメート骨格 |
| スルホン酸骨格 |
| スルホンアミド骨格 |
| メチレンイミノ骨格 |
| メチレンヒドラジノ骨格 |
| アミド骨格 |

【１０１３】

【表１５】

表 15. 修飾キャップ

| |
|---|
| m7GpppA |
| m7GpppC |
| m2,7GpppG |
| m2,2,7GpppG |
| m7Gpppm7G |
| m7,2'OmeGpppG |
| m72'dGpppG |
| m7,3'OmeGpppG |
| m7,3'dGpppG |
| GppppG |
| m7GppppG |
| m7GppppA |
| m7GppppC |
| m2,7GppppG |
| m2,2,7GppppG |
| m7Gppppm7G |
| m7,2'OmeGppppG |
| m72'dGppppG |
| m7,3'OmeGppppG |
| m7,3'dGppppG |

【１０１４】

遺伝子組換えシステムの鋳型を含むヌクレオチドは、天然又は修飾塩基、又はそれらの組合せであり得る。例えば、鋳型は、プソイドウリジン、ジヒドロウリジン、イノシン、７－メチルグアノシン、又は他の修飾塩基を含み得る。一部の実施形態では、鋳型は、ロックド核酸ヌクレオチドを含み得る。一部の実施形態では、鋳型中で使用される修飾塩基は、鋳型の逆転写を阻害しない。一部の実施形態では、鋳型中で使用される修飾塩基は、逆転写、例えば、特異性又は忠実度を改善し得る。

【１０１５】

一部の実施形態では、システムのＲＮＡ成分（例えば、鋳型ＲＮＡ又はｇＲＮＡ）は、１つ又は複数のヌクレオチド修飾を含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡの修飾パターンは、（例えば、Ｆｉｎｎ　ｅｔ　ａｌ．Ｃｅｌｌ　Ｒｅｐ　２２（９）：２２２７－２２３５（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）からの図１Ｄに示される）非修飾又は末端修飾ガイドと比較して、インビボ活性に有意に影響し得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、このプロセスは、少なくとも部分的には、修飾によって付与されるＲＮＡの安定化に起因し得る。こうした修飾の非限定的な例は、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－０－（２－メトキシエチル）（２’－０－ＭＯＥ）、２’－フルオロ（２’－Ｆ）、ヌクレオチド間のホスホロチオエート（ＰＳ）結合、Ｇ－Ｃ置換並びにヌクレオチド間の逆位脱塩基結合及びそれらの均等物を含み得る。

【１０１６】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ（例えば、標的部位に結合するその１部分）又はガイドＲＮＡは、５’末端領域を含む。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ又はガイドＲＮＡは、５’末端領域を含まない。一部の実施形態では、５’末端領域は、例えば、ＢｒｉｎｅｒＡＥ　ｅｔ　ａｌ，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ　Ｃｅｌｌ　５６：３３３－３３９（２０１４）（全体が参照により本明細書に組み込まれる；例えば、全てのガイドＲＮＡに、本明細書で適用可能）中のｓｇＲＮＡに関する記載のように、ｇＲＮＡスペーサー領域を含む。一部の実施形態では、５’末端領域は、５’末端修飾を含む。一部の実施形態では、５’末端領域は、スペーサー領域と共に又はスペーサー領域なしで、ｃｒＲＮＡ、ｔｒＲＮＡ、ｓｇＲＮＡ及び／又はｄｇＲＮＡと会合され得る。ｇＲＮＡスペーサー領域は、いくつかの事例では、ガイド領域、ガイドドメイン、又は標的ドメインを含み得る。

【１０１７】
一部の実施形態では、本明細書に記載される鋳型ＲＮＡ（例えば、標的部位に結合するその１部分）又はガイドＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の表４に示される配列のいずれかを含む。一部の実施形態では、配列が、ガイド及び／又はスペーサー領域を示す場合、組成物は、この領域を含んでも又は含まなくてもよい。一部の実施形態では、ガイドＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４に示される、例えば、その中で配列番号によって同定されたような配列のいずれかの修飾の１つ又は複数を含む。複数の実施形態では、ヌクレオチドは、同じであるか又は異なり得、且つ／又は示される修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４に示されるようなガイド配列の修飾パターンに対して同一又は類似であり得る。一部の実施形態では、修飾パターンは、ｇＲＮＡの修飾の相対的位置及び同一性又はｇＲＮＡの領域（例えば５’末端領域、より下流のステム領域、バルジ領域、より上流のステム領域、ネクサス領域、ヘアピン１領域、ヘアピン２領域、３’末端領域）を含む。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列カラムに示される配列のいずれか１つの、及び／又はその配列の１つ若しくは複数の領域にわたる修飾の少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％を含む。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列カラムに示される配列のいずれか１つの修飾パターンと、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４に示される配列の１つ又は複数の領域にわたり、例えば、５’末端領域、より下流のステム領域、バルジ領域、より上流のステム領域、ネクサス領域、ヘアピン１領域、ヘアピン２領域、及び／又は３’末端領域において、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、５’末端領域にわたる配列の修飾パターンに対して、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、より下流のステムにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、バルジにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、より上流のステムにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、ネクサスにわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、ヘアピン１にわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、ヘアピン２にわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、３’末端にわたり、少なくとも５０％、５５％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％同一である。一部の実施形態では、修飾パターンは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列、又はこうした配列の領域（例えば５’末端、より下流のステム、バルジ、より上流のステム、ネクサス、ヘアピン１、ヘアピン２、３’末端）の修飾パターンと、例えば、０、１、２

、３、４、５、６、又はそれ以上のヌクレオチドで異なる。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列の修飾と、例えば、０、１、２、３、４、５、６、又はそれ以上のヌクレオチドで異なる修飾を含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、国際公開第２０１８１０７０２８Ａ１号パンフレットの表４の配列の領域（例えば５’末端、より下流のステム、バルジ、より上流のステム、ネクサス、ヘアピン１、ヘアピン２、３’末端）の修飾と、例えば、０、１、２、３、４、５、６、又はそれ以上のヌクレオチドで異なる修飾を含む。

【１０１８】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ（例えば、標的部位に結合するその１部分）又はｇＲＮＡは、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ｍｏｅ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、ヌクレオチド間のホスホロチオエート（ＰＳ）結合を含む。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、５’末端修飾、３’末端修飾、又は５’及び３’末端修飾を含む。一部の実施形態では、５’末端修飾は、ヌクレオチド間のホスホロチオエート（ＰＳ）結合を含む。一部の実施形態では、５’末端修飾は、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ＭＯＥ）、及び／又は２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾ヌクレオチドを含む。一部の実施形態では、５’末端修飾は、少なくとも１つのホスホロチオエート（ＰＳ）結合及び２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ＭＯＥ）、及び／又は２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾ヌクレオチドの１つ又は複数を含む。末端修飾は、ホスホロチオエート（ＰＳ）、２’－Ｏ－メチル（２’－Ｏ－Ｍｅ）、２’－Ｏ－（２－メトキシエチル）（２’－Ｏ－ＭＯＥ）、及び／又は２’－フルオロ（２’－Ｆ）修飾を含み得る。等価な末端修飾も、本明細書に記載される実施形態によって包含される。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡ又はｇＲＮＡは、鋳型ＲＮＡ又はｇＲＮＡの１つ又は複数の領域の修飾と組み合わせた末端修飾を含む。ＲＮＡ、例えば、ｇＲＮＡ、及びその組成式を保護するための更なる例示的な修飾及び方法は、国際公開第２０１８１２６１７６Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１０１９】

一部の実施形態では、構造－ガイド及び系統学的手法を用いて、例えば、Ｍｉｒ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｃｏｍｍｕｎ ９：２６４１（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、鋳型ＲＮＡ又はガイドＲＮＡに修飾（例えば、２’－ＯＭｅ－ＲＮＡ、２’－Ｆ－ＲＮＡ、及びＰＳ修飾）を導入する。一部の実施形態では、２’－Ｆ－ＲＮＡの組み込みは、例えば、Ｃ３’－エンド糖パッカリングに最小限に干渉しながら、ＲＮＡ：ＲＮＡ又はＲＮＡ：ＤＮＡ二本鎖の熱安定性及びヌクレアーゼ安定性を増加させる。一部の実施形態では、２’－Ｆは、２’－ＯＨがＲＮＡ：ＤＮＡ二本鎖安定性に重要である場合の位置で２’－ＯＭｅより優れた耐容性を示し得る。一部の実施形態では、ｃｒＲＮＡは、Ｃａｓ９活性を低下させない１つ又は複数の修飾、例えば、Ｍｉｒ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｃｏｍｍｕｎ ９：２６４１（２０１８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の補足表１に記載の、例えば、Ｃ１０、Ｃ２０、又はＣ２１（完全に修飾）を含む。一部の実施形態では、ｔｒａｃｒＲＮＡは、Ｃａｓ９活性を低下させない１つ又は複数の修飾、例えば、Ｍｉｒ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｃｏｍｍｕｎ ９：２６４１（２０１８）の補足表１のＴ２、Ｔ６、Ｔ７、又はＴ８（完全に修飾）を含む。一部の実施形態では、（例えば、本明細書に記載されるような）１つ又は複数の修飾を含むｃｒＲＮＡは、１つ又は複数の修飾、例えば、Ｃ２０及びＴ２を含むｔｒａｃｒＲＮＡと対合され得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、例えば、ｃｒＲＮＡ及びｔｒａｃｒＲＮＡのキメラを含む（例えば、Ｊｉｎｅｋ ｅｔ ａｌ．Ｓｃｉｅｎｃｅ ３３７（６０９６）：８１６－８２１（２０１２））。複数の実施形態では、ｃｒＲＮＡ及びｔｒａｃｒＲＮＡの修飾は、例えば、安定性が増強された修飾ｇＲＮＡを作製するため、単一ガイドキメラ上にマッピングされる。

【１０２０】
一部の実施形態では、ｇＲＮＡ分子は、天然に存在する構成成分、例えば、ヘアピンの付加又はサブトラクションによって修飾され得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、例えば、国際公開第２０１８１０６７２７号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載のように、１つ又は複数の３’ヘアピン要素が欠失されたｇＲＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ｇＲＮＡは、付加されたヘアピン構造、例えば、Ｋｏｃａｋ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ ３７（６）：６５７－６６６（２０１９）の教示内容中でＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓシステムの特異性を増加させることが示された、スペーサー領域内に付加されたヘアピン構造を含有し得る。短縮されたｇＲＮＡ及びインビボ活性を改善する特定の修飾の例を含む更なる修飾は、米国特許出願公開第２０１９０３１６１２１号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に見出すことができる。
【１０２１】
一部の実施形態では、構造－ガイド及び系統学的手法（例えば、Ｍｉｒ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｃｏｍｍｕｎ ９：２６４１（２０１８）に記載のとおり；全体が参照により本明細書に組み込まれる）を用いて、鋳型ＲＮＡに対する修飾を見出す。複数の実施形態では、その修飾は、鋳型ＲＮＡのガイド領域の包含又は除外によって同定される。一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡに結合されたポリペプチドの構造を用いて、ＲＮＡの非タンパク質と接触したヌクレオチドを判定し、次に、例えば、ＲＮＡとポリペプチドとの会合を破壊するリスクがより低い修飾について選択することができる。更に、鋳型ＲＮＡ中の二次構造は、ソフトウェアツール、例えば、ｒｎａ．ｕｒｍｃ．ｒｏｃｈｅｓｔｅｒ．ｅｄｕ／ＲＮＡｓｔｒｕｃｔｕｒｅＷｅｂで利用可能なＲＮＡ構造ツールによってインシリコで予測し（Ｂｅｌｌａｏｕｓｏｖ ｅｔ ａｌ．Ｎｕｃｌｅｉｃ Ａｃｉｄｓ Ｒｅｓ ４１：Ｗ４７１－Ｗ４７４（２０１３）；その全体が参照により本明細書に組み込まれる）、例えば、修飾、例えば、ヘアピン、ステム、及び／又はバルジを選択するための二次構造を決定することが可能である。
【１０２２】
組成物及びシステムの作製
当業者に理解されるように、核酸構築物及びタンパク質又はポリペプチド（本明細書に記載されるシステム、構築物及びポリペプチドなど）を設計及び構築する方法は、当技術分野において常用的である。一般に、組換え法が使用され得る。概略については、Ｓｍａｌｅｓ ＆ Ｊａｍｅｓ（Ｅｄｓ．）、Ｔｈｅｒａｐｅｕｔｉｃ Ｐｒｏｔｅｉｎｓ：Ｍｅｔｈｏｄｓ ａｎｄ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ（Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ），Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２００５）；及びＣｒｏｍｍｅｌｉｎ，Ｓｉｎｄｅｌａｒ ＆ Ｍｅｉｂｏｈｍ（Ｅｄｓ．），Ｐｈａｒｍａｃｅｕｔｉｃａｌ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｆｕｎｄａｍｅｎｔａｌｓ ａｎｄ Ａｐｐｌｉｃａｔｉｏｎｓ，Ｓｐｒｉｎｇｅｒ（２０１３）を参照されたい。核酸組成物を設計、調製、評価、精製及び操作する方法は、Ｇｒｅｅｎ ａｎｄ Ｓａｍｂｒｏｏｋ（Ｅｄｓ．），Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｃｌｏｎｉｎｇ：Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ（Ｆｏｕｒｔｈ Ｅｄｉｔｉｏｎ），Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｐｒｅｓｓ（２０１２）に記載されている。
【１０２３】
本開示は、部分的に、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチド、本明細書に記載される鋳型核酸又は両方をコードする核酸、例えば、ベクターを提供する。一部の実施形態では、ベクターは、選択マーカ、例えば、抗生物質耐性マーカを含む。一部の実施形態では、抗生物質耐性マーカは、カナマイシン耐性マーカである。一部の実施形態では、抗生物質耐性マーカは、βラクタム抗生物質に耐性を付与しない。一部の実施形態では、ベクターは、アンピシリン耐性マーカを含まない。一部の実施形態では、ベクターは、カナマイシン耐性マーカを含み、アンピシリン耐性マーカを含まない。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするベクターは、標的細胞ゲノムに組み込まれる（

例えば、標的細胞、組織、器官、又は対象への投与時に）。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドをコードするベクターは、標的細胞ゲノムに組み込まれない（例えば、標的細胞、組織、器官、又は対象への投与時に）。一部の実施形態では、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）をコードするベクターは、標的細胞ゲノムに組み込まれない（例えば、標的細胞、組織、器官、又は対象への投与時に）。一部の実施形態では、ベクターが、標的細胞ゲノム中の標的部位に組み込まれる場合、選択マーカは、ゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、ベクターが、標的細胞ゲノム中の標的部位に組み込まれる場合、ベクターの維持に関与する遺伝子又は配列（例えば、プラスミド維持遺伝子）は、ゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、ベクターが、標的細胞ゲノム中の標的部位に組み込まれる場合、移入調節配列（例えば、ＡＡＶ由来の、例えば、逆位末端配列）は、ゲノムに組み込まれない。一部の実施形態では、ベクター（例えば、本明細書に記載される遺伝子組換えポリペプチド、本明細書に記載される鋳型核酸又はその両方をコードする）を標的細胞、組織、器官、又は対象へ投与することにより、前記標的細胞、組織、器官、又は対象のゲノム中の１つ若しくは複数の標的部位へのベクターの１部分の組み込みが起こる。一部の実施形態では、組み込まれた物質を含む標的部位の９９、９５、９０、８０、７０、６０、５０、４０、３０、２０、１０、５、４、３、２若しくは１％未満（例えば、標的部位なし）は、ベクター由来の、選択マーカ（例えば、抗生物質耐性遺伝子）、移入調節配列（例えば、ＡＡＶ由来の、例えば、逆位末端配列）、又は両方を含む。

【１０２４】

本明細書に記載される医薬用タンパク質又はポリペプチドを生産する例示的な方法は、哺乳動物細胞での発現を含むが、適切なプロモータの制御下の昆虫細胞、酵母、細菌、又は他の細胞を用いて、組換えタンパク質を生産することもできる。哺乳動物発現ベクターは、非転写因子、例えば、複製起点、好適なプロモータ、並びに他の５’若しくは３’フランキング非転写配列、並びに５’若しくは３’非翻訳配列、例えば必要なリボソーム結合部位、ポリアデニル化部位、スプライスドナー及びアクセプター部位並びに終結配列を含み得る。ＳＶ４０ウイルスゲノム由来のＤＮＡ配列、例えばＳＶ４０オリジン、アーリープロモータ、スプライス、及びポリアデニル化部位を使用して、異種ＤＮＡ配列の発現に必要な他の遺伝因子を提供することができる。細菌、真菌、酵母、及び哺乳動物細胞宿主での使用に適切なクローニング及び発現ベクターは、Ｇｒｅｅｎ ＆ Ｓａｍｂｒｏｏｋ，Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｃｌｏｎｉｎｇ：Ａ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｍａｎｕａｌ（Ｆｏｕｒｔｈ Ｅｄｉｔｉｏｎ），Ｃｏｌｄ Ｓｐｒｉｎｇ Ｈａｒｂｏｒ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ Ｐｒｅｓｓ（２０１２）に記載されている。

【１０２５】

様々な哺乳動物細胞培養システムを使用して、組換えタンパク質を発現させ、製造することができる。哺乳動物発現システムの例として、ＣＨＯ、ＣＯＳ、ＨＥＫ２９３、ＨｅＬＡ、及びＢＨＫ細胞株が挙げられる。タンパク質治療薬生産のための宿主細胞培養方法は、Ｚｈｏｕ ａｎｄ Ｋａｎｔａｒｄｊｉｅｆｆ（Ｅｄｓ．），Ｍａｍｍａｌｉａｎ Ｃｅｌｌ Ｃｕｌｔｕｒｅｓ ｆｏｒ Ｂｉｏｌｏｇｉｃｓ Ｍａｎｕｆａｃｔｕｒｉｎｇ（Ａｄｖａｎｃｅｓ ｉｎ Ｂｉｏｃｈｅｍｉｃａｌ Ｅｎｇｉｎｅｅｒｉｎｇ／Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ），Ｓｐｒｉｎｇｅｒ（２０１４）に記載されている。本明細書に記載される組成物は、組換えタンパク質をコードするベクター、例えば、ウイルスベクター、例えば、レンチウイルスベクターを含み得る。一部の実施形態では、ベクター、例えば、ウイルスベクターは、組換えタンパク質をコードする核酸を含み得る。

【１０２６】

タンパク質治療薬の精製は、Ｆｒａｎｋｓ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｉｓｏｌａｔｉｏｎ，Ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚａｔｉｏｎ，ａｎｄ Ｓｔａｂｉｌｉｚａｔｉｏｎ，Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１３）；及びＣｕｔｌｅｒ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｐｕｒｉｆｉｃａｔｉｏｎ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ（Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ），Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１０）に記載されている。

【１０２７】
本開示は、遺伝子組換えポリペプチド及び／又はゲノム標的部位に対する特異性を有する鋳型核酸分子（例えば、鋳型ＲＮＡ）の作製のための組成物及び方法も提供する。一態様では、本方法は、上流の相同性セグメント、異種目的配列セグメント、遺伝子組換えポリペプチド結合モチーフ、及びｇＲＮＡセグメントを含むＲＮＡセグメントの作製を含む。
【１０２８】
治療用途
一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを用いて、細胞（例えば、動物細胞、植物細胞、又は真菌細胞）を修飾することができる。一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを用いて、哺乳動物細胞（例えば、ヒト細胞）を修飾することができる。一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを用いて、家畜動物（例えば、ウシ、ウマ、ヒツジ、ヤギ、ブタ、ラマ、アルパカ、ラクダ、ヤク、ニワトリ、アヒル、ガチョウ、又はダチョウ）由来の細胞を修飾することができる。一部の実施形態では、例えば、動物細胞、例えば、哺乳動物細胞（例えば、ヒト細胞）、植物細胞、又は真菌細胞を修飾するために、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムを、実験ツール若しくは研究ツールとして使用するか、又は実験方法若しくは研究方法に使用することができる。
【１０２９】
コーディング遺伝子をＲＮＡ配列鋳型に組み込むことにより、例えば、機能喪失型変異を有する個体において治療導入遺伝子の発現を提供することにより、機能獲得型変異を正常な導入遺伝子で置換することにより、機能獲得型変異発現を排除するために調節配列を提供することにより、及び／又は作動可能に連結された遺伝子、導入遺伝子及びそのシステムの発現を制御することにより、遺伝子組換えシステムは、治療ニーズに対処することができる。特定の実施形態では、ＲＮＡ配列鋳型は、宿主細胞の治療ニーズに特異的なプロモータ領域、例えば組織特異的プロモータ又はエンハンサーをコードする。更に他の実施形態では、プロモータは、コーディング配列と作動可能に連結させることができる。
【１０３０】
一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、標的遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、プロモータ又はエンハンサー内の配列、例えば転写因子に結合する配列を改変し、付加し、又は欠失させることにより、標的遺伝子の発現（例えば、転写又は翻訳）を増加又は減少させる。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、標的遺伝子の翻訳を改変し（例えば、アミノ酸配列を改変し）、開始若しくは停止コドンを挿入するか若しくは欠失させ、遺伝子の翻訳フレームを改変若しくは修復する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、例えば、スプライスアクセプター又はドナー部位を挿入し、欠失させ、又は改変することにより、標的遺伝子のスプライシングを改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、転写物又はタンパク質の半減期を改変する。一部の実施形態では、挿入、欠失、置換、又はそれらの組合せは、標的遺伝子、例えば、標的遺伝子によってコードされるタンパク質の活性を改変し、増加させ、減少させる。
【１０３１】
代償性編集（ｃｏｍｐｅｎｓａｔｏｒｙ　ｅｄｉｔ）
一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法を用いて、代償性編集を導入することができる。一部の実施形態では、代償性編集は、疾患を引き起こす突然変異の位置と異なる、疾患又は障害に関連する遺伝子の位置に存在する。一部の実施形態では、代償性突然変異は、原因突然変異を含む遺伝子中に存在しない。一部の実施形態では、代償性編集は、疾患を引き起こす突然変異を無効にするか又は代償し得る。一部の実施形態では、代償性編集は、本明細書に提供されるシステム又は方法によって導入され、疾患を引き起こす突然変異の変異体の効果を抑制し、又は元に戻すことができる。

【１０３２】
調節編集
一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法を用いて、調節編集を導入することができる。一部の実施形態では、調節編集は、遺伝子の調節配列、例えば、遺伝子プロモータ、遺伝子エンハンサー、遺伝子リプレッサ、又は遺伝子スプライシングを制御する配列に導入される。一部の実施形態では、調節編集は、標的遺伝子の発現レベルを増加又は減少させる。一部の実施形態では、標的遺伝子は、疾患を引き起こす突然変異を含む遺伝子と同じである。一部の実施形態では、標的遺伝子は、疾患を引き起こす突然変異を含む遺伝子と異なる。
【１０３３】
リピート伸長病
一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法を用いて、リピート伸長病を処置することができる。一部の実施形態では、本明細書に提供されるシステム又は方法、例えば、遺伝子組換えポリペプチドを含むものを用いて、カスタマイズされたＲＮＡ鋳型に従う遺伝子座でリピートの数をリセットすることにより、リピート伸長病を処置することができる。
【１０３４】
投与及び送達
本明細書に記載される組成物及びシステムは、インビトロ又はインビボで使用され得る。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、例えば、インビトロ又はインビボで細胞（例えば、哺乳動物細胞、例えば、ヒト細胞）に送達される。一部の実施形態では、細胞は、真核細胞、例えば、多細胞生物、例えば、動物、例えば、哺乳動物（例えば、ヒト、ブタ、ウシ）、鳥類（例えば、家禽類、例えば、ニワトリ、シチメンチョウ、又はアヒル）、又は魚類の細胞である。一部の実施形態では、細胞は、非ヒト動物細胞（例えば、実験動物、家畜動物、又はコンパニオンアニマル）である。一部の実施形態では、細胞は、幹細胞（例えば、造血幹細胞）、線維芽細胞、又はＴ細胞である。一部の実施形態では、細胞は、免疫細胞、例えば、Ｔ細胞（例えば、Ｔｒｅｇ、ＣＤ４、ＣＤ８、γδ、又はメモリーＴ細胞）、Ｂ細胞（例えば、メモリーＢ細胞又は形質細胞）、又はＮＫ細胞である。一部の実施形態では、細胞は、非分裂細胞、例えば、非分裂線維芽細胞又は非分裂Ｔ細胞である。一部の実施形態では、細胞は、ＨＳＣであり、ｐ５３は上方制御されないか、又は例えば、ＰＣＴ／ＵＳ２０１９／０４８６０７号明細書の実施例３０に記載の方法に従って決定されるように、１０％、５％、２％、又は１％未満上方制御される。当業者は、遺伝子組換えシステムの成分が、ポリペプチド、核酸（例えば、ＤＮＡ、ＲＮＡ）、及びそれらの組合せの形態で送達され得ることが理解されるであろう。
【１０３５】
一実施形態では、システム及び／又はシステムの成分は、核酸として送達される。例えば、遺伝子組換えポリペプチドは、ポリペプチドをコードするＤＮＡ又はＲＮＡの形態で送達され得、鋳型ＲＮＡは、ＲＮＡ又はＲＮＡに転写されるその相補的ＤＮＡの形態で送達され得る。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、１、２、３、４、又はそれ以上の個別の核酸分子上で送達される。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ＤＮＡ及びＲＮＡの組合せとして送達される。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ＤＮＡ及びタンパク質の組合せとして送達される。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ＲＮＡ及びタンパク質の組合せとして送達される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドは、タンパク質として送達される。
【１０３６】
一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ベクターを用いて、細胞、例えば哺乳動物細胞又はヒト細胞に送達される。ベクターは、例えば、プラスミド又はウイルスであり得る。一部の実施形態では、送達は、インビボ、インビトロ、エクスビボ、又はインサイチュである。一部の実施形態では、ウイルスは、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）

、レンチウイルス、又はアデノウイルスである。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、ウイルス様粒子又はビロソームを用いて細胞に送達される。一部の実施形態では、送達は、２つ以上のウイルス、ウイルス様粒子又はビロソームを使用する。

【１０３７】

一実施形態では、本明細書に記載される組成物及びシステムは、リポソーム又は他の類似の小胞中に製剤化することができる。リポソームは、内部水性コンパートメントを取り囲む単層又は多重層脂質二重膜と、及び比較的不透過性の外側親油性リン脂質二重膜から構成される球状の小胞構造である。リポソームは、アニオン性、中性又はカチオン性であり得る。リポソームは、生体適合性、非毒性であり、親水性及び親油性薬物分子の両方を送達し、それらのカーゴをプラズマ酵素による分解から保護すると共に、それらのロードを生体膜及び血液脳関門（ＢＢＢ）を介して輸送することができる（例えば、論評については、Ｓｐｕｃｈ ａｎｄ Ｎａｖａｒｒｏ，Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｄｒｕｇ Ｄｅｌｉｖｅｒｙ，ｖｏｌ．２０１１，Ａｒｔｉｃｌｅ ＩＤ ４６９６７９，１２ ｐａｇｅｓ，２０１１．ｄｏｉ：１０．１１５５／２０１１／４６９６７９を参照）。

【１０３８】

小胞は、いくつかの異なるタイプの脂質から製造することができるが；薬物担体としてリポソームを作製するためにはリン脂質が最も一般的に使用される。多重層小胞脂質の調製方法は、当技術分野で公知である（例えば、米国特許第６，６９３，０８６号明細書を参照、多重層小胞脂質の調製に関するその教示内容は、参照により本明細書に組み込まれる）。脂質膜を水溶液と混合すれば、小胞形成は自然に起こり得るが、ホモジナイザー、超音波発生装置、又は押出機を用いて振盪の形態で力を加えることにより、それを促進することもできる（例えば、論評については、Ｓｐｕｃｈ ａｎｄ Ｎａｖａｒｒｏ，Ｊｏｕｒｎａｌ ｏｆ Ｄｒｕｇ Ｄｅｌｉｖｅｒｙ，ｖｏｌ．２０１１，Ａｒｔｉｃｌｅ ＩＤ ４６９６７９，１２ ｐａｇｅｓ，２０１１．ｄｏｉ：１０．１１５５／２０１１／４６９６７９を参照）。押出脂質は、Ｔｅｍｐｌｅｔｏｎ ｅｔ ａｌ．，Ｎａｔｕｒｅ Ｂｉｏｔｅｃｈ，１５：６４７－６５２，１９９７（押出脂質調製に関するその教示内容は、参照により本明細書に組み込まれる）に記載されているように、サイズ漸減フィルターを介した押出により調製することができる。

【１０３９】

リポソーム、脂質ナノ粒子、カチオン性脂質ナノ粒子、イオン化可能な脂質ナノ粒子、ポリマーナノ粒子、金ナノ粒子、デンドリマー、シクロデキストリンナノ粒子、ミセル、又は前述の組み合わせなどの、様々なナノ粒子を送達に使用できる。

【１０４０】

脂質ナノ粒子は、本明細書に記載される医薬組成物のための生体適合性及び生分解性送達系を提供する担体の一例である。ナノ構造脂質担体（ＮＬＣ）は、ＳＬＮの特徴を保持し、薬物安定性及び負荷容量を向上させると共に、薬物漏出を防ぐ、修飾固体脂質ナノ粒子（ＳＬＮ）である。ポリマーナノ粒子（ＰＮＰ）は、薬物送達の重要な成分である。これらのナノ粒子は、特定の標的に対して薬物送達を効果的に指向し、薬物安定性及び薬物放出制御を改善することができる。脂質－ポリマーナノ粒子（ＰＬＮ）、すなわちリポソーム及びポリマーを組み合わせたタイプの担体も使用し得る。これらのナノ粒子は、ＰＮＰ及びリポソームの相補的利点を有する。ＰＬＮは、コア－シェル構造から構成され；ポリマーコアは、安定した構造を提供し、リン脂質シェルは良好な生体適合性を賦与する。このように、２つの成分は、薬物封入効率を高め、表面修飾を促進すると共に、水溶性薬物の漏出を防ぐ。例えば、論評については、Ｌｉ ｅｔ ａｌ．２０１７，Ｎａｎｏｍａｔｅｒｉａｌｓ ７，１２２；ｄｏｉ：１０．３３９０／ｎａｎｏ７０６０１２２を参照されたい。

【１０４１】

本明細書に記載される組成物及びシステム用の薬物送達ビヒクルとしてエクソソームを使用することもできる。論評については、Ｈａ ｅｔ ａｌ．Ｊｕｌｙ ２０１６．Ａｃｔａ Ｐｈａｒｍａｃｅｕｔｉｃａ Ｓｉｎｉｃａ Ｂ．Ｖｏｌｕｍｅ ６，Ｉｓｓｕｅ

４，Ｐａｇｅｓ ２８７－２９６；ｈｔｔｐｓ：／／ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０１６／ｊ．ａｐｓｂ．２０１６．０２．００１を参照されたい。

【１０４２】

フソソームは、標的細胞と相互作用して、それと融合することから、様々な分子の送達ビヒクルとして用いることができる。フソソームは、一般に、管腔又は空洞を封入する両親媒性脂質の二重層及び両親媒性脂質二重層と相互作用するフソゲンからなる。フソゲン成分は、融合及びペイロード送達のための標的細胞特異性を付与し、プログラム可能な細胞特異性を備える送達ビヒクルの作製を可能にするために操作可能であることが示されている（例えば国際公開第２０２００１４２０９号パンフレットを参照されたい。フソソーム設計、調製、及び使用に関するその教示は、参照により本明細書に組み込まれる）。

【１０４３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのタンパク質成分は、鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）と事前に結合され得る。例えば、一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドを初めに鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）と組み合わせて、リボヌクレオタンパク質（ＲＮＰ）複合体を形成し得る。一部の実施形態では、ＲＮＰは、例えば、トランスフェクション、ヌクレオフェクション、ウイルス、小胞、ＬＮＰ、エクソソーム、フソソームを介して、細胞に送達され得る。

【１０４４】

遺伝子組換えシステムは、細胞、組織及び多細胞生物に導入され得る。一部の実施形態では、システム又はシステムの成分は、機械的手段又は物理的手段を用いて、細胞に送達される。

【１０４５】

タンパク質治療薬の製剤化は、Ｍｅｙｅｒ（Ｅｄ．），Ｔｈｅｒａｐｅｕｔｉｃ Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｄｒｕｇ Ｐｒｏｄｕｃｔｓ：Ｐｒａｃｔｉｃａｌ Ａｐｐｒｏａｃｈｅｓ ｔｏ ｆｏｒｍｕｌａｔｉｏｎ ｉｎ ｔｈｅ Ｌａｂｏｒａｔｏｒｙ，Ｍａｎｕｆａｃｔｕｒｉｎｇ，ａｎｄ ｔｈｅ Ｃｌｉｎｉｃ，Ｗｏｏｄｈｅａｄ Ｐｕｂｌｉｓｈｉｎｇ Ｓｅｒｉｅｓ（２０１２）に記載されている。

【１０４６】

組織特異的活性／投与

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステムは、オフターゲット細胞又は組織において活性を制限するために、１つ又は複数の特徴（例えば、プロモータ又はｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位）を利用することができる。

【１０４７】

一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ）は、プロモータ配列、例えば、組織特異的プロモータ配列を含む。一部の実施形態では、組織特異的プロモータを用いて、遺伝子組換えシステムの標的細胞特異性を増加させる。例えば、プロモータは、標的細胞型において活性があるが、非標的細胞型において活性がない（又はより低いレベルで活性がある）ことに基づいて選択され得る。従って、プロモータが非標的細胞のゲノムに組み込まれても、それは、組み込まれた遺伝子の発現を駆動することはない（又は低レベルの発現を駆動するに過ぎない）。更に、鋳型ＲＮＡ中に組織特異的プロモータ配列を有するシステムは、例えば、本明細書に記載のように、例えば、鋳型ＲＮＡ又は遺伝子組換えタンパク質をコードする核酸において、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位と組み合わせて使用され得る。鋳型ＲＮＡ中に組織特異的プロモータ配列を有するシステムは、例えば、標的細胞内で、非標的細胞内よりも高いレベルの遺伝子組換えタンパク質を得るため、組織特異的プロモータによって駆動される、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＤＮＡと組み合わせても使用され得る。一部の実施形態では、例えば、肝臓の適応症の場合、組織特異的プロモータは、参照により本明細書に組み込まれる国際公開第２０２００１４２０９号パンフレットの表３から選択される。

【１０４８】

一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ又は鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ）は、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を含む。一部の実施形態では、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を用いて、遺伝子組換えシステムの標的細胞特異性を増加させる。例えば、ｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位は、非標的細胞型内に存在するが、標的細胞型内に存在しない（又は非標的細胞と比較して低下したレベルで存在する）ｍｉＲＮＡによって認識されることに基づいて選択され得る。従って、鋳型ＲＮＡが非標的細胞内に存在する場合、それはｍｉＲＮＡによって結合されることになり、鋳型ＲＮＡが標的細胞内に存在する場合、それはｍｉＲＮＡによって結合されない（又は専ら非標的細胞と比較して低下したレベルで結合される）ことになる。特定の理論に束縛されることを意図しないが、ｍｉＲＮＡの鋳型ＲＮＡへの結合は、その活性に干渉することがあり、例えば、異種目的配列のゲノムへの挿入に干渉することがある。従って、このシステムであれば、標的細胞のゲノムを、それが非標的細胞のゲノムを編集する場合よりも効率的に編集することになり、例えば、異種目的配列であれば、標的細胞のゲノムに、非標的細胞のゲノムに挿入されるよりも効率的に挿入されることになり、又は挿入若しくは欠失は、標的細胞において、非標的細胞におけるよりも効率的に生成される。更に、鋳型ＲＮＡ（又はそれをコードするＤＮＡ）中にｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位を有するシステムは、遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸と組み合わせて使用され得、ここで、遺伝子組換えポリペプチドの発現は、例えば、本明細書に記載されるように、第２のｍｉｃｒｏＲＮＡ結合部位によって調節される。一部の実施形態では、例えば、肝臓の適応症の場合、ｍｉＲＮＡは、国際公開第２０２００１４２０９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表４から選択される。

【１０４９】

一部の実施形態では、鋳型ＲＮＡは、ｍｉｃｒｏＲＮＡ配列、ｓｉＲＮＡ配列、ガイドＲＮＡ配列、又はｐｉｗｉ　ＲＮＡ配列を含む。

【１０５０】

プロモータ

一部の実施形態では、１つ若しくは複数のプロモータ又はエンハンサーを、遺伝子組換えタンパク質をコードする核酸又は例えば異種目的配列の発現を制御する鋳型核酸と作動可能に連結する。特定の実施形態では、１つ若しくは複数のプロモータ又はエンハンサーは、細胞型若しくは組織特異的エレメントを含む。一部の実施形態では、プロモータ又はエンハンサーは、同じであるか、又は異種目的配列の発現を天然で制御するプロモータ若しくはエンハンサーに由来する。例えば、オルニチントランスカルボミラーゼプロモータ及びエンハンサーを用いて、オルニチントランスカルボミラーゼ欠失を補正するために本発明により提供されるシステム若しくは方法におけるオルニチントランスカルボミラーゼ遺伝子の発現を制御することができる。一部の実施形態では、プロモータは、表１６又は１７のプロモータ又はその機能性断片若しくは変異体である。

【１０５１】

市販されている例示的な組織特異的プロモータは、例えば、ＵＲＬ（例えば、ｈｔｔｐｓ：／／ｗｗｗ．ｉｎｖｉｖｏｇｅｎ．ｃｏｍ／ｔｉｓｓｕｅ－ｓｐｅｃｉｆｉｃ－ｐｒｏｍｏｔｅｒｓ）に見出すことができる。一部の実施形態では、プロモータは、ネイティブプロモータ又は最小プロモータ（例えば、所与の遺伝子の５’領域からの単一断片から構成されるもの）である。一部の実施形態では、ネイティブプロモータは、コアプロモータとその天然の５’ＵＴＲを含む。一部の実施形態では、５’ＵＴＲは、イントロンを含む。他の実施形態では、これらは、起源の異なるプロモータを組み合わせるか、又は同じ起源の最小プロモータと共に遠位エンハンサーをアセンブリングすることにより作製された複合プロモータを含む。

【１０５２】

例示的な細胞又は組織特異的プロモータを以下の表に記載し、それらをコードする例示的な核酸は、当技術分野で公知であり、様々なリソース、例えば、ＲｅｆＳｅｑ．を含むＮＣＢＩデータベース並びにＥｕｋａｒｙｏｔｉｃ　Ｐｒｏｍｏｔｅｒ　Ｄａｔａｂａｓ

ｅ（／／ｅｐｄ．ｅｐｆｌ．ｃｈ／／ｉｎｄｅｘ．ｐｈｐ）を用いて、容易に入手することができる。

【１０５３】

【表１６】

*表 16. 例示的な細胞又は組織特異的プロモータ*

| プロモータ | 標的細胞 |
|---|---|
| B29 プロモータ | B 細胞 |
| CD14 プロモータ | 単球性細胞 |
| CD43 プロモータ | 白血球及び血小板 |
| CD45 プロモータ | 造血細胞 |
| CD68 プロモータ | マクロファージ |
| デスミンプロモータ | 筋肉細胞 |
| エラスターゼ-1 プロモータ | 膵腺房細胞 |
| エンドグリンプロモータ | 内皮細胞 |
| フィブロネクチンプロモータ | 分化細胞、治癒再生組織 |
| Flt-1 プロモータ | 内皮細胞 |
| GFAP プロモータ | 星状膠細胞 |
| GPIIB プロモータ | 巨核球 |
| ICAM-2 プロモータ | 内皮細胞 |
| INF-β プロモータ | 造血細胞 |
| Mb プロモータ | 筋肉細胞 |
| Nphs1 プロモータ | ポドサイト |
| OG-2 プロモータ | 骨芽細胞、象牙芽細胞 (Odonblasts) |
| SP-B プロモータ | 肺 |
| Syn1 プロモータ | ニューロン |
| WASP プロモータ | 造血細胞 |
| SV40/bAlb プロモータ | 肝臓 |
| SV40/bAlb プロモータ | 肝臓 |
| SV40/Cd3 プロモータ | 白血球及び血小板 |
| SV40/CD45 プロモータ | 造血細胞 |
| NSE/RU5'プロモータ | 成熟ニューロン |

【１０５４】

【表１７－１】

*表 17.更なる例示的な細胞又は組織特異的プロモータ*

| プロモータ | 遺伝子記述 | 遺伝子特異性 |
|---|---|---|
| APOA2 | アポリポタンパク質 A-II | 肝細胞 (肝細胞前駆体由来) |
| SERPINA1 (hAAT) | セルピンペプチダーゼ阻害剤、クレード A (α1 抗プロテイナーゼ、アンチトリプシン)、メンバー1 (別名:α1 アンチトリプシン) | 肝細胞 (胚体内胚葉期からの) |
| CYP3A | チトクロム P450、ファミリー3、サブファミリーA、ポリペプチド | 成熟肝細胞 |
| MIR122 | MicroRNA 122 | 肝細胞 (初期胚性肝細胞由来) 及び内胚葉 |
| **膵臓特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| INS | インスリン | 膵 β 細胞 (胚体内胚葉期からの) |
| IRS2 | インスリン受容体基質 2 | 膵 β 細胞 |
| Pdx1 | 膵臓及び十二指腸ホメオボックス 1 | 膵臓 (胚体内胚葉期からの) |
| Alx3 | アリスタレス(Aristaless)様ホメオボックス 3 | 膵 β 細胞 (胚体内胚葉期からの) |
| Ppy | 膵ポリペプチド | PP 膵細胞 (ガンマ細胞) |
| **心臓特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| Myh6 (aMHC) | ミオシン、重鎖 6、心筋、α | 心筋細胞の後期分化マーカ (心房特異性) |
| MYL2 (MLC-2v) | ミオシン、軽鎖 2、調節、心臓、低速 | 心筋細胞の後期分化マーカ (心室特異性) |
| ITNNI3 (cTnI) | トロポニン I タイプ 3 (心臓) | 心筋細胞 (未成熟な状態からの) |
| ITNNI3 (cTnI) | トロポニン I タイプ 3 (心臓) | 心筋細胞 (未成熟な状態からの) |
| NPPA (ANF) | ナトリウム利尿ペプチド前駆体 A (別名:心房性ナトリウム利尿因子) | 成体細胞における心房特異性 |
| Slc8a1 (Ncx1) | 溶質キャリアファミリー8 (ナトリウム/カルシウム交換体)、メンバー1 | 初期発生段階由来の心筋細胞 |
| **CNS 特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| SYN1 (hSyn) | シナプシン I | ニューロン |
| GFAP | グリア線維酸性タンパク質 | 星状膠細胞 |
| INA | インターネキシンニューロン中間径フィラメントタンパク質、α (a-インターネキシン) | 神経前駆細胞 |
| NES | ネスチン | 神経前駆細胞及び外胚葉 |
| MOBP | ミエリン関連オリゴデンドロサイト塩基性タンパク質 | オリゴデンドロサイト |
| MBP | ミエリン塩基性タンパク質 | オリゴデンドロサイト |
| TH | チロシンヒドロキシラーゼ | ドーパミン作動性ニューロン |
| FOXA2 (HNF3β) | フォークヘッドボックス A2 | ドーパミン作動性ニューロン (内胚葉のマーカとしても使用される) |
| **皮膚特異的プロモータ** | | |

【１０５５】

【表１７－２】

| プロモータ | 遺伝子記述 | 遺伝子特異性 |
|---|---|---|
| FLG | フィラグリン | 顆粒層由来のケラチノサイト |
| K14 | ケラチン 14 | 顆粒層及び基底層由来のケラチノサイト |
| TGM3 | トランスグルタミナーゼ 3 | 顆粒層由来のケラチノサイト |
| | | |
| **免役細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| ITGAM (CD11B) | インテグリン、αM (補体成分 3 受容体 3 サブユニット) | 単球、マクロファージ、顆粒球、ナチュラルキラー細胞 |
| | | |
| **尿生殖器細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| Pbsn | プロバシン | 前立腺上皮 |
| Upk2 | ウロプラキン 2 | 膀胱 |
| Sbp | スペルミン結合タンパク質 | 前立腺 |
| Fer1l4 | Fer-1 様 4 | 膀胱 |
| | | |
| **内皮細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| ENG | エンドグリン | 内皮細胞 |
| | | |
| **多能性細胞及び胚性細胞特異的プロモータ** | | |
| **プロモータ** | **遺伝子記述** | **遺伝子特異性** |
| Oct4 (POU5F1) | POU クラス 5 ホメオボックス 1 | 多能性細胞 (生殖細胞、ES 細胞、iPS 細胞) |
| NANOG | Nanog ホメオボックス | 多能性細胞 (ES 細胞、iPS 細胞) |
| 合成 Oct4 | Oct-4 コアエンハンサーエレメントに基づく合成プロモータ | 多能性細胞 (ES 細胞、iPS 細胞) |
| T ブラキュリ | ブラキュリ(Brachyury) | 中胚葉 |
| NES | ネスチン | 神経前駆細胞及び外胚葉 |
| SOX17 | SRY (染色体性決定領域 Y)-ボックス 17 | 内胚葉 |
| FOXA2 (HNFJβ) | フォークヘッドボックス A2 | 内胚葉 (ドーパミン作動性ニューロンのマーカとしても使用される) |
| MIR122 | MicroRNA 122 | 内胚葉及び肝細胞 (初期胚性肝細胞由来～ |

【１０５６】

使用される宿主／ベクターシステムに応じて、構成性及び誘導性プロモータ、転写エンハンサーエレメント、転写ターミネーターなどを含め、いくつかの好適な転写及び翻訳制御エレメントのいずれも発現ベクターに使用し得る（例えば、Ｂｉｔｔｅｒ　ｅｔ　ａｌ．（１９８７）Ｍｅｔｈｏｄｓ　ｉｎ　Ｅｎｚｙｍｏｌｏｇｙ，１５３：５１６－５４４を参照されたい；尚、その全体が、参照により本明細書に組み込まれる）。

【１０５７】

一部の実施形態では、遺伝子組換えタンパク質をコードする核酸又は鋳型核酸は、制御エレメント、例えば、プロモータなどの転写制御エレメントと作動可能に連結される。転写制御エレメントは、一部の実施形態では、真核生物細胞、例えば、哺乳動物細胞；又は原核生物細胞（例えば、細菌若しくは古細菌細胞）のいずれかで機能性であり得る。一部の実施形態では、ポリペプチドをコードするヌクレオチド配列は、例えば、原核生物細胞及び真核生物細胞の両方でポリペプチドをコードするヌクレオチド配列の発現を可能にする、複数の制御エレメントと作動可能に連結される。

【１０５８】

例示の目的のために、空間限定プロモータの例として、限定されないが、ニューロン特異的プロモータ、脂肪細胞特異的プロモータ、心筋細胞特異的プロモータ、平滑筋特異的プロモータ、光受容体特異的プロモータなどが挙げられる。ニューロン特異的空間限定プロモータとして、限定されないが、以下のものが挙げられる：ニューロン特異的エノラーゼ（ＮＳＥ）プロモータ（例えば、ＥＭＢＬ　ＨＳＥＮＯ２，Ｘ５１９５６を参照）；芳香族アミノ酸デカルボキシラーゼ（ＡＡＤＣ）プロモータ、ニューロフィラメントプロモータ（例えば、ＧｅｎＢａｎｋ　ＨＵＭＮＦＬ，Ｌ０４１４７を参照）；シナプシンプロモータ（例えば、ＧｅｎＢａｎｋ　ＨＵＭＳＹＮＩＢ，Ｍ５５３０１を参照）；ｔｈｙ－１プロモータ（例えば、Ｃｈｅｎ　ｅｔ　ａｌ．（１９８７）Ｃｅｌｌ　５１：７－１９

；及びＬｌｅｗｅｌｌｙｎ，ｅｔ ａｌ．（２０１０）Ｎａｔ．Ｍｅｄ．１６（１０）：１１６１－１１６６を参照）；セロトニン受容体プロモータ（例えば、ＧｅｎＢａｎｋＳ６２２８３を参照）；チロシンヒドロキシラーゼプロモータ（ＴＨ）（例えば、Ｏｈｅｔ ａｌ．（２００９）Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ １６：４３７；Ｓａｓａｏｋａ ｅｔａｌ．（１９９２）Ｍｏｌ．Ｂｒａｉｎ Ｒｅｓ．１６：２７４；Ｂｏｕｎｄｙ ｅｔａｌ．（１９９８）Ｊ．Ｎｅｕｒｏｓｃｉ．１８：９９８９；及びＫａｎｅｄａ ｅｔａｌ．（１９９１）Ｎｅｕｒｏｎ ６：５８３－５９４を参照）；ＧｎＲＨプロモータ（例えば、Ｒａｄｏｖｉｃｋ ｅｔ ａｌ．（１９９１）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８８：３４０２－３４０６を参照）；Ｌ７プロモータ（例えば、Ｏｂｅｒｄｉｃｋ ｅｔ ａｌ．（１９９０）Ｓｃｉｅｎｃｅ ２４８：２２３－２２６を参照）；ＤＮＭＴプロモータ（例えば、Ｂａｒｔｇｅ ｅｔ ａｌ．（１９８８）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８５：３６４８－３６５２を参照）；エンケファリンプロモータ（例えば、Ｃｏｍｂ ｅｔ ａｌ．（１９８８）ＥＭＢＯ Ｊ．１７：３７９３－３８０５を参照）；ミエリン塩基性タンパク質（ＭＢＰ）プロモータ；Ｃａ２＋カルモジュリン依存性タンパク質キナーゼＩＩ－α（ＣａｍＫＩＩα）プロモータ（例えば、Ｍａｙｆｏｒｄ ｅｔ ａｌ．（１９９６）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ９３：１３２５０；及びＣａｓａｎｏｖａ ｅｔ ａｌ．（２００１）Ｇｅｎｅｓｉｓ ３１：３７を参照）；ＣＭＶエンハンサー／血小板由来成長因子－βプロモータ（例えば、Ｌｉｕ ｅｔ ａｌ．（２００４）Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒａｐｙ １１：５２－６０を参照）；など。

【１０５９】

脂肪細胞特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下のものが挙げられる：ａＰ２遺伝子プロモータ／エンハンサー、例えば、ヒトａＰ２遺伝子の－５．４ｋｂから＋２１ｂｐまでの領域（例えば、Ｔｏｚｚｏ ｅｔ ａｌ．（１９９７）Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１３８：１６０４；Ｒｏｓｓ ｅｔ ａｌ．（１９９０）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８７：９５９０；及びＰａｖｊａｎｉ ｅｔ ａｌ．（２００５）Ｎａｔ．Ｍｅｄ．１１：７９７を参照）；グルコーストランスポーター－４（ＧＬＵＴ４）プロモータ（例えば、Ｋｎｉｇｈｔ ｅｔ ａｌ．（２００３）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ １００：１４７２５を参照）；脂肪酸トランスロカーゼ（ＦＡＴ／ＣＤ３６）プロモータ（例えば、Ｋｕｒｉｋｉ ｅｔ ａｌ．（２００２）Ｂｉｏｌ．Ｐｈａｒｍ．Ｂｕｌｌ．２５：１４７６；及びＳａｔｏ ｅｔ ａｌ．（２００２）Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．２７７：１５７０３を参照）；ステアロイル－ＣｏＡデサチュラーゼ－１（ＳＣＤ１）プロモータ（Ｔａｂｏｒ ｅｔ ａｌ．（１９９９）Ｊ．Ｂｉｏｌ．Ｃｈｅｍ．２７４：２０６０３）；レプチンプロモータ（例えば、Ｍａｓｏｎ ｅｔ ａｌ．（１９９８）Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１３９：１０１３；及びＣｈｅｎ ｅｔ ａｌ．（１９９９）Ｂｉｏｃｈｅｍ．Ｂｉｏｐｈｙｓ．Ｒｅｓ．Ｃｏｍｍ．２６２：１８７を参照）；アジドネクチンプロモータ（例えば、Ｋｉｔａ ｅｔ ａｌ．（２００５）Ｂｉｏｃｈｅｍ．Ｂｉｏｐｈｙｓ．Ｒｅｓ．Ｃｏｍｍ．３３１：４８４；及びＣｈａｋｒａｂａｒｔｉ （２０１０）Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１５１：２４０８を参照）；アジプシンプロモータ（例えば、Ｐｌａｔｔ ｅｔ ａｌ．（１９８９）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８６：７４９０を参照）；レジスチンプロモータ（例えば、Ｓｅｏ ｅｔ ａｌ．（２００３）Ｍｏｌｅｃ．Ｅｎｄｏｃｒｉｎｏｌ．１７：１５２２を参照）；など。

【１０６０】

心筋細胞特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下の遺伝子；ミオシン軽鎖－２、α－ミオシン重鎖、ＡＥ３、心臓トロポニンＣ、心臓アクチンなどに由来する制御配列が挙げられる。Ｆｒａｎｚ ｅｔ ａｌ．（１９９７）Ｃａｒｄｉｏｖａｓｃ．Ｒｅｓ．３５：５６０－５６６；Ｒｏｂｂｉｎｓ ｅｔ ａｌ．（１９９５）Ａｎｎ．Ｎ．Ｙ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．７５２：４９２－５０５；Ｌｉｎｎ ｅｔ ａｌ．（１９９５）Ｃｉｒｃ．Ｒｅｓ．７６：５８４－５９１；Ｐａｒｍａｃｅｋ ｅｔ ａｌ．（１９

９４）Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．１４：１８７０－１８８５；Ｈｕｎｔｅｒ ｅｔ ａｌ．（１９９３）Ｈｙｐｅｒｔｅｎｓｉｏｎ ２２：６０８－６１７；及びＳａｒｔｏｒｅｌｌｉ ｅｔ ａｌ．（１９９２）Ｐｒｏｃ．Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ ８９：４０４７－４０５１。

【１０６１】

平滑筋細胞特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下のものが挙げられる：ＳＭ２２αプロモータ（例えば、Ａｋｙｕｅｒｅｋ ｅｔ ａｌ．（２０００）Ｍｏｌ．Ｍｅｄ．６：９８３；及び米国特許第７，１６９，８７４号明細書を参照）；スムーセリンプロモータ（例えば、国際公開第２００１／０１８０４８号パンフレットを参照）；α－平滑筋アクチンプロモータ；など。例えば、ＳＭ２２αプロモータの０．４ｋｂ領域（その内部に２つのＣＡｒＧエレメントが位置する）は、血管の平滑筋細胞特異的発現を媒介することが明らかにされている（例えば、Ｋｉｍ，ｅｔ ａｌ．（１９９７）Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．１７，２２６６－２２７８；Ｌｉ，ｅｔ ａｌ．，（１９９６）Ｊ．Ｃｅｌｌ Ｂｉｏｌ．１３２ ８４９－８５９；及びＭｏｅｓｓｌｅｒ，ｅｔ ａｌ．（１９９６）Ｄｅｖｅｌｏｐｍｅｎｔ １２２，２４１５－２４２５を参照）。

【１０６２】

光受容体特異的空間限定プロモータとしては、限定されないが、以下のものが挙げられる：ロドプシンキナーゼプロモータ（Ｙｏｕｎｇ ｅｔ ａｌ．（２００３）Ｏｐｈｔｈａｌｍｏｌ．Ｖｉｓ．Ｓｃｉ．４４：４０７６）；βホスホジエステラーゼ遺伝子プロモータ（Ｎｉｃｏｕｄ ｅｔ ａｌ．（２００７）Ｊ．Ｇｅｎｅ Ｍｅｄ．９：１０１５）；網膜色素変性遺伝子プロモータ（Ｎｉｃｏｕｄ ｅｔ ａｌ．（２００７）前掲）；光受容体間レチノイド結合タンパク質（ＩＲＢＰ）遺伝子エンハンサー（Ｎｉｃｏｕｄ ｅｔ ａｌ．（２００７）前掲）；ＩＲＢＰ遺伝子プロモータ（Ｙｏｋｏｙａｍａ ｅｔ ａｌ．（１９９２）Ｅｘｐ Ｅｙｅ Ｒｅｓ．５５：２２５）；など。

【１０６３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステム、例えば、遺伝子組換えポリペプチドをコードするＤＮＡ、鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ、又は異種目的配列をコードするＤＮＡ若しくはＲＮＡは、１つ又は複数のエレメントが、組織特異的プロモータ、例えば、Ｔ細胞内で活性があるプロモータに作動可能に連結されるように設計される。更なる実施形態では、Ｔ細胞活性プロモータは、他の細胞型、例えば、Ｂ細胞、ＮＫ細胞において不活性である。一部の実施形態では、Ｔ細胞活性プロモータは、Ｔ細胞受容体の成分、例えば、ＴＲＡＣ、ＴＲＢＣ、ＴＲＧＣ、ＴＲＤＣをコードする遺伝子についてのプロモータに由来する。一部の実施形態では、Ｔ細胞活性プロモータは、分化タンパク質のＴ細胞特異的クラスターの成分、例えば、ＣＤ３、例えば、ＣＤ３Ｄ、ＣＤ３Ｅ、ＣＤ３Ｇ、ＣＤ３Ｚをコードする遺伝子についてのプロモータに由来する。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムにおけるＴ細胞特異的プロモータは、公的に利用可能な遺伝子発現データを細胞型にわたって比較し、Ｔ細胞内での発現が増強された遺伝子からプロモータを選択することによって発見される。一部の実施形態では、プロモータは、所望の発現幅に応じて選択され得、例えば、Ｔ細胞のみにおいて活性があるプロモータ、ＮＫ細胞のみにおいて活性があるプロモータ、Ｔ細胞及びＮＫ細胞の両方において活性があるプロモータである。

【１０６４】

当技術分野で公知の細胞特異的プロモータを用いて、例えば、本明細書に記載される遺伝子組換えタンパク質の発現を指令することができる。非限定的な例示的哺乳動物細胞特異的プロモータは、特性決定されており、細胞特異的にＣｒｅリコンビナーゼを発現するマウスに使用されている。いくつかの非限定的な例示的哺乳動物細胞特異的プロモータは、米国特許第９８４５４８１号明細書（参照により本明細書に組み込まれる）の表１に列挙されている。

【１０６５】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるベクターは、発現カセットを含む。典型的に、発現カセットは、プロモータ配列と作動可能に連結した本発明の核酸分子を含む。例

えば、プロモータは、それが、コーディング配列の発現に影響を及ぼすことができる場合、コーディング配列と作動可能に連結している（例えば、コーディング配列は、プロモータの転写制御下にある）。コーディング配列は、センス又はアンチセンス配向で調節配列と作動可能に連結することができる。特定の実施形態では、プロモータは、異種プロモータである。特定の実施形態では、発現カセットは、別のエレメント、例えば、イントロン、エンハンサー、ポリアデニル化部位、ウッドチャック（ｗｏｏｄｃｈｕｃｋ）応答エレメント（ＷＲＥ）、及び／又はコーディング配列の発現レベルに影響を及ぼすことがわかっている他のエレメントを含み得る。プロモータは、典型的に、コーディング配列又は機能性ＲＮＡの発現を制御する。特定の実施形態では、プロモータ配列は、近位及びより遠位の上流エレメントを含み、更にエンハンサーエレメントも含み得る。エンハンサーは、典型的に、プロモータ活性を刺激することができ、プロモータの天然のエレメントであり得るか、又はプロモータのレベル若しくは組織特異性を増強するために挿入された異種エレメントであり得る。特定の実施形態では、プロモータは、その全体がネイティブ遺伝子に由来する。特定の実施形態では、プロモータは、天然に存在する異なるプロモータ由来の様々なエレメントから構成される。特定の実施形態では、プロモータは、合成ヌクレオチド配列を含む。当業者であれば、種々のプロモータが、様々な組織若しくは細胞型において、又は様々な発生段階において、又は様々な環境条件又は薬剤若しくは転写補因子の存在若しくは非存在に応答して、遺伝子の発現を指令し得ることが理解されるであろう。ユビキタス、細胞型特異的、組織特異的、発生段階特異的、及び条件的プロモータ、例えば、薬剤応答性プロモータ（例えばテトラサイクリン応答性プロモータ）は、当業者に周知である。例示的なプロモータとして、限定されないが、ホスホグリセリン酸キナーゼ（ＰＫＧ）プロモータ、ＣＡＧ（ＣＭＶエンハンサー、ニワトリβアクチンプロモータ（ＣＢＡ）及びウサギβグロビンイントロンの複合物）、ＮＳＥ（ニューロン特異的エノラーゼ）、シナプシン若しくはＮｅｕＮプロモータ、ＳＶ４０初期プロモータ、マウス乳房腫瘍ウイルスＬＴＲプロモータ；アデノウイルス主要後期プロモータ（Ａｄ　ＭＬＰ）、単純ヘルペスウイルス（ｈｅｒｐｅｓ　ｓｉｍｐｌｅｘ　ｖｉｒｕｓ）（ＨＳＶ）プロモータ、サイトメガロウイルス（ｃｙｔｏｍｅｇａｌｏｖｉｒｕｓ）（ＣＭＶ）プロモータ、例えば、ＣＭＶ最初期プロモータ領域（ＣＭＶＩＥ）、ＳＦＦＶプロモータ、ラウス肉腫ウイルス（ｒｏｕｓ　ｓａｒｃｏｍａ　ｖｉｒｕｓ）（ＲＳＶ）プロモータ、合成プロモータ、ハイブリダイゼーションプロモータなどが挙げられる。他のプロモータは、ヒト由来又はマウスをはじめとする他の種由来のものであり得る。一般的なプロモータとしては、例えば、ヒトサイトメガロウイルス（ｃｙｔｏｍｅｇａｌｏｖｉｒｕｓ）（ＣＭＶ）最初期遺伝子プロモータ、ＳＶ４０初期プロモータ、ラウス肉腫ウイルス（Ｒｏｕｓ　ｓａｒｃｏｍａ　ｖｉｒｕｓ）の長い末端反復、［β］－アクチン、ラットインスリンプロモータ、ホスホグリセリン酸キナーゼプロモータ、ヒトα－１アンチトリプシン（ｈＡＡＴ）プロモータ、トランスサイレチンプロモータ、ＴＢＧプロモータ及び他の肝臓特異的プロモータ、デスミンプロモータ及び類似の筋肉特異的プロモータ、ＥＦ１－α－プロモータ、多組織特異性を備えるハイブリッドプロモータ、シナプシン及びグリセルアルデヒド－３－リン酸デヒドロゲナーゼプロモータのようなニューロン特異的プロモータが挙げられ、これらは、全て当業者に周知であり、容易に入手可能であり、目的のコーディング配列の高レベルの発現を達成するために使用することができる。加えて、マウスメタロチオネイン遺伝子などの非ウイルス遺伝子由来の配列も本発明において有用であろう。こうしたプロモータ配列は、例えば、Ｓｔｒａｔａｇｅｎｅ（Ｓａｎ　Ｄｉｅｇｏ，ＣＡ）から市販されている。更に別の例示的なプロモータ配列は、例えば、国際公開第２０１８２１３７８６Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１０６６】

一部の実施形態では、例えば、肝臓での発現を駆動するために、アポリポタンパク質Ｅエンハンサー（ＡｐｏＥ）又はその機能性断片を使用する。一部の実施形態では、ＡｐｏＥエンハンサー又はその機能性断片の２コピーを使用する。一部の実施形態では、Ａｐｏ

Ｅエンハンサー又はその機能性断片をプロモータ、例えば、ヒトα－１アンチトリプシン（ｈＡＡＴ）プロモータと組み合わせて使用する。

【１０６７】

一部の実施形態では、調節配列は、組織特異的遺伝子発現能力を付与する。いくつかのケースでは、組織特異的調節配列は、組織特異的に転写を誘導する組織特異的転写因子に結合する。様々な組織特異的調節配列（例えば、プロモータ、エンハンサーなど）が当技術分野で公知である。例示的な組織特異的調節配列として、限定されないが、以下の組織特異的プロモータが挙げられる：肝臓特異的チロキシン結合グロブリン（ＴＢＧ）プロモータ、インスリンプロモータ、グルカゴンプロモータ、ソマトスタチンプロモータ、膵ポリペプチド（ＰＰＹ）プロモータ、シナプシン－１（Ｓｙｎ）プロモータ、クレアチンキナーゼ（ＭＣＫ）プロモータ、哺乳動物デスミン（ＤＥＳ）プロモータ、α－ミオシン重鎖（ａ－ＭＨＣ）プロモータ、又は心臓トロポニンＴ（ｃＴｎＴ）プロモータ。他の例示的なプロモータとしては、β－アクチンプロモータ、Ｂ型肝炎ウイルスコアプロモータ、Ｓａｎｄｉｇ ｅｔ ａｌ．，Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．，３：１００２－９（１９９６）；α－フェトプロテイン（ＡＦＰ）プロモータ、Ａｒｂｕｔｈｎｏｔ ｅｔ ａｌ．，Ｈｕｍ．Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．，７：１５０３－１４（１９９６））、骨オステオカルシンプロモータ（Ｓｔｅｉｎ ｅｔ ａｌ．、Ｍｏｌ．Ｂｉｏｌ．Ｒｅｐ．，２４：１８５－９６（１９９７））；骨シアロタンパク質プロモータ（Ｃｈｅｎ ｅｔ ａｌ．，Ｊ．Ｂｏｎｅ Ｍｉｎｅｒ．Ｒｅｓ．，１１：６５４－６４（１９９６））、ＣＤ２プロモータ（Ｈａｎｓａｌ ｅｔ ａｌ．，Ｊ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．，１６１：１０６３－８（１９９８）；免疫グロブリン重鎖プロモータ；Ｔ細胞受容体α－鎖プロモータ、ニューロン特異的エノラーゼ（ＮＳＥ）プロモータなどのニューロンプロモータ（Ａｎｄｅｒｓｅｎ ｅｔ ａｌ．，Ｃｅｌｌ．Ｍｏｌ．Ｎｅｕｒｏｂｉｏｌ．，１３：５０３－１５（１９９３））、ニューロフィラメント軽鎖遺伝子プロモータ（Ｐｉｃｃｉｏｌｉ ｅｔ ａｌ．，Ｐｒｏｃ． Ｎａｔｌ．Ａｃａｄ．Ｓｃｉ．ＵＳＡ，８８：５６１１－５（１９９１））並びにニューロン特異的ｖｇｆ遺伝子プロモータ（Ｐｉｃｃｉｏｌｉ ｅｔ ａｌ．，Ｎｅｕｒｏｎ，１５：３７３－８４（１９９５））などが挙げられる。別の例示的なプロモータ配列は、例えば、米国特許第１０３００１４６号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。一部の実施形態では、組織特異的調節エレメント、例えば、組織特異的プロモータは、例えば、ＲＮＡ－ｓｅｑ若しくはタンパク質発現データ、又はそれらの組合せにより測定して、所与の組織中で高度に発現される遺伝子と作動可能に連結していることがわかっているものから選択される。発現による組織特異性を分析する方法は、Ｆａｇｅｒｂｅｒｇ ｅｔ ａｌ．Ｍｏｌ Ｃｅｌｌ Ｐｒｏｔｅｏｍｉｃｓ １３（２）：３９７－４０６ （２０１４）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に教示されている。

【１０６８】

一部の実施形態では、本明細書に記載のベクターは、マルチシストロン性発現構築物である。マルチシストロン性発現構築物として、例えば、第１発現カセット（例えば、第１プロモータ及び第１コーディング核酸配列を含む）と、第２発現カセット（例えば、第２プロモータ及び第２コーディング核酸配列を含む）を有する構築物が挙げられる。こうしたマルチシストロン性発現構築物は、いくつかの事例では、ポリペプチド、例えば遺伝子組換えポリペプチド及び遺伝子組換え鋳型と一緒に、ヘアピンＲＮＡなどの非翻訳遺伝子産物の送達に特に有用となり得る。一部の実施形態では、マルチシストロン性発現構築物は、例えば、プロモータ干渉、又は不適合性核酸エレメントの近接した存在のために、含まれる導入遺伝子の１つ若しくは複数の発現レベル低下を呈示し得る。マルチシストロン性発現構築物がウイルスベクターの一部である場合、自己相補性核酸配列の存在は、いくつかの事例において、ウイルスの増殖又はパッケージングに必要な構造の形成を妨害し得る。

【１０６９】

一部の実施形態では、配列は、ヘアピンを有するＲＮＡをコードする。一部の実施形態

では、ヘアピンＲＮＡは、ガイドＲＮＡ、鋳型ＲＮＡ、ｓｈＲＮＡ、又はｍｉｃｒｏＲＮＡである。一部の実施形態では、第１プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩプロモータである。一部の実施形態では、第１プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩＩプロモータである。一部の実施形態では、第２プロモータは、ＲＮＡポリメラーゼＩＩＩプロモータである。一部の実施形態では、第２プロモータは、Ｕ６又はＨ１プロモータである。

【１０７０】

特定の理論に束縛されることを意図しないが、マルチシストロン性発現構築物は、ただ１つのシストロンを含む発現システムと比較して、最適な発現レベルを達成しないと考えられる。２つ以上のプロモータエレメントを含むマルチシストロン性発現構築物を用いて達成される発現レベル低下について示される原因の１つは、プロモータ干渉の現象である（例えば、Ｃｕｒｔｉｎ Ｊ Ａ，Ｄａｎｅ Ａ Ｐ，Ｓｗａｎｓｏｎ Ａ，Ａｌｅｘａｎｄｅｒ Ｉ Ｅ，Ｇｉｎｎ Ｓ Ｌ．Ｂｉｄｉｒｅｃｔｉｏｎａｌ ｐｒｏｍｏｔｅｒ ｉｎｔｅｒｆｅｒｅｎｃｅ ｂｅｔｗｅｅｎ ｔｗｏ ｗｉｄｅｌｙ ｕｓｅｄ ｉｎｔｅｒｎａｌ ｈｅｔｅｒｏｌｏｇｏｕｓ ｐｒｏｍｏｔｅｒｓ ｉｎ ａ ｌａｔｅ－ｇｅｎｅｒａｔｉｏｎ ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ ｃｏｎｓｔｒｕｃｔ．Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．２００８ Ｍａｒｃｈ；１５（５）：３８４－９０；及びＭａｒｔｉｎ－Ｄｕｑｕｅ Ｐ，Ｊｅｚｚａｒｄ Ｓ，Ｋａｆｔａｎｓｉｓ Ｌ，Ｖａｓｓａｕｘ Ｇ．Ｄｉｒｅｃｔ ｃｏｍｐａｒｉｓｏｎ ｏｆ ｔｈｅ ｉｎｓｕｌａｔｉｎｇ ｐｒｏｐｅｒｔｉｅｓ ｏｆ ｔｗｏ ｇｅｎｅｔｉｃ ｅｌｅｍｅｎｔｓ ｉｎ ａｎ ａｄｅｎｏｖｉｒａｌ ｖｅｃｔｏｒ ｃｏｎｔａｉｎｉｎｇ ｔｗｏ ｄｉｆｆｅｒｅｎｔ ｅｘｐｒｅｓｓｉｏｎ ｃａｓｓｅｔｔｅｓ．Ｈｕｍ Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．２００４ Ｏｃｔｏｂｅｒ；１５（１０）：９９５－１００２を参照されたい；尚、いずれの参照文献も、プロモータ干渉現象の開示について、参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、プロモータ干渉の問題は、例えば、内部リボソーム進入部位により隔てられる複数のコーディング核酸配列の転写を駆動するただ１つのプロモータを含むマルチシストロン性発現構築物を生成することにより、又は転写インスレータエレメントを備えるそれ自身のプロモータを含むシストロンを分離することによって解消することができる。一部の実施形態では、単一プロモータにより駆動される多シストロンの発現は、シストロンの不均一な発現レベルを招き得る。一部の実施形態では、プロモータを効率的に分離することはできず、分離エレメントは、一部の遺伝子導入ベクター、例えば、一部のレトロウイルスベクターと適合性ではない場合がある。

【１０７１】

ｍｉｃｒｏＲＮＡ

ｍｉｃｒｏＲＮＡ（ｍｉＲＮＡ）及び他の低分子干渉核酸は、一般に、標的ＲＮＡ転写物切断／分解又は標的メッセンジャーＲＮＡ（ｍＲＮＡ）の翻訳抑制によって遺伝子発現を調節する。ｍｉＲＮＡは、いくつかの事例において、典型的に、最終的な１９～２５の非翻訳ＲＮＡ産物として天然に発現され得る。ｍｉＲＮＡは、一般に、標的ｍＲＮＡの３’非翻訳領域（ＵＴＲ）との配列特異的相互作用を介してその活性を呈示する。これらの内在性発現ｍｉＲＮＡは、ヘアピン前駆体を形成し得るが、これらは、後に、ｍｉＲＮＡデュープレックス、更には成熟一本鎖ｍｉＲＮＡ分子にプロセシングされる。この成熟ｍｉＲＮＡは、一般に、多タンパク質複合体、ｍｉＲＩＳＣを誘導し、これは、成熟ｍｉＲＮＡに対するその相補性に基づいて標的ｍＲＮＡの標的３’ＵＴＲ領域を識別する。有用な導入遺伝子産物として、例えば、連結ポリペプチドの発現を調節するｍｉＲＮＡ又はｍｉＲＮＡ結合部位を挙げることができる。ｍｉＲＮＡ遺伝子；これら遺伝子の産物及びその相同体の非限定的なリストは、導入遺伝子として、又は低分子干渉核酸（例えば、ｍｉＲＮＡスポンジ、アンチセンスオリゴヌクレオチド）の標的として、例えば、参照により本明細書に組み込まれる米国特許第１０３００１４６号明細書、２２：２５－２５：４８に列挙されるものなどの方法において有用である。一部の実施形態では、前述したｍｉＲＮＡの１つ又は複数に対する１つ若しくは複数の結合部位は、導入遺伝子、例えば、ｒＡＡＶベクターにより送達される導入遺伝子に組み込まれて、例えば、その導入遺伝子を保

有する動物の１つ若しくは複数の組織中の導入遺伝子の発現を阻害する。一部の実施形態では、組織特異的に導入遺伝子の発現を制御するように、結合部位を選択し得る。例えば、肝臓特異適ｍｉＲ－１２２に対する結合部位を導入遺伝子に組み込んで、肝臓中のその導入遺伝子の発現を阻害することができる。別の例示的なｍｉＲＮＡ配列は、例えば、米国特許第１０，３００，１４６号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１０７２】

ｍｉＲ阻害剤又はｍｉＲＮＡ阻害剤は、概して、ｍｉＲＮＡ発現及び／又はプロセシングを阻止する薬剤である。こうした薬剤の例として、限定されないが、ｍｉｃｒｏＲＮＡアンタゴニスト、ｍｉｃｒｏＲＮＡ特異的アンチセンス、ｍｉｃｒｏＲＮＡスポンジ、及びｍｉｃｒｏＲＮＡオリゴヌクレオチド（二本鎖、ヘアピン、短いオリゴヌクレオチド）が挙げられ、これらは、Ｄｒｏｓｈａ複合体とのｍｉＲＮＡ相互作用を阻害する。ｍｉｃｒｏＲＮＡ阻害剤、例えば、ｍｉＲＮＡスポンジは、導入遺伝子から細胞に発現させることができる（例えば、Ｅｂｅｒｔ，Ｍ．Ｓ．Ｎａｔｕｒｅ　Ｍｅｔｈｏｄｓ，Ｅｐｕｂ　Ａｕｇ．１２，２００７に記載の通り；尚、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。一部の実施形態では、ｍｉｃｒｏＲＮＡスポンジ、又は他のｍｉＲ阻害剤は、ＡＡＶと一緒に使用される。ｍｉｃｒｏＲＮＡスポンジは、一般に、相補的ヘプタマーシード配列を介して、ｍｉＲＮＡを特異的に阻害する。一部の実施形態では、単一のスポンジ配列を用いて、ｍｉＲＮＡのファミリー全体をサイレンシングすることができる。細胞中でｍｉＲＮＡ機能をサイレンシングする（ｍｉＲＮＡ標的の抑制解除）他の方法は、当業者に明らかであろう。

【１０７３】

一部の実施形態では、本明細書に記載される遺伝子組換えシステム、鋳型ＲＮＡ、又はポリペプチドは、標的組織、例えば、第１の組織に投与されるか、又はそこで活性である（例えば、より活性である）。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステム、鋳型ＲＮＡ、又はポリペプチドは、非標的組織に投与されないか、又は非標的組織において活性が低い（例えば、活性でない）。一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えシステム、鋳型ＲＮＡ、又はポリペプチドは、標的組織、例えば、第１組織において、ＤＮＡを修飾する（そして例えば、非標的組織においてＤＮＡを修飾しない）のに有用である。

【１０７４】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムは、（ａ）本明細書に記載のポリペプチド又はそれをコードする核酸、（ｂ）本明細書に記載の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）、及び（ｃ）標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列を含み、ここで、標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）と機能的に関連しており、（ａ）と関連する場合、（ａ）はポリペプチドをコードする核酸を含む。

【１０７５】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸はＲＮＡを含む。

【１０７６】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸はＤＮＡを含む。

【１０７７】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸は：（ｉ）一本鎖であるか、又は一本鎖セグメントを含む、例えば、一本鎖ＤＮＡであるか、又は一本鎖セグメント及び１つ若しくは複数の二本鎖セグメントを含む；（ｉｉ）逆末端反復を有する；又は（ｉｉｉ）（ｉ）と（ｉｉ）の両方である。

【１０７８】

一部の実施形態では、（ｂ）の核酸は二本鎖であるか、又は二本鎖セグメントを含む。

【１０７９】

一部の実施形態では、（ａ）は、ポリペプチドをコードする核酸を含む。

【１０８０】

一部の実施形態では、（ａ）の核酸はＲＮＡを含む。
【１０８１】
一部の実施形態では、（ａ）の核酸はＤＮＡを含む。
【１０８２】
一部の実施形態では、（ａ）の核酸は：（ｉ）一本鎖であるか、又は一本鎖セグメントを含む、例えば、一本鎖ＤＮＡであるか、又は一本鎖セグメント及び１つ若しくは複数の二本鎖セグメントを含む；（ｉｉ）逆末端反復を有する；又は（ｉｉｉ）（ｉ）と（ｉｉ）の両方である。
【１０８３】
一部の実施形態では、（ａ）の核酸は二本鎖であるか、又は二本鎖セグメントを含む。
【１０８４】
一部の実施形態では、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）における核酸は線状である。
【１０８５】
一部の実施形態では、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）における核酸は、環状、例えば、プラスミド又はミニサークルである。
【１０８６】
一部の実施形態では、異種目的配列は、第１プロモータと機能的に関連している。
【１０８７】
一部の実施形態では、１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、組織特異的プロモータを含む。
【１０８８】
一部の実施形態では、組織特異的プロモータは、以下と機能的に関連する第１プロモータを含む：（ｉ）異種目的配列、（ｉｉ）レトロウイルスＲＴをコードする核酸、又は（ｉｉｉ）（ｉ）及び（ｉｉ）。
【１０８９】
一部の実施形態では、１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、以下と機能的に関連する組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を含む：（ｉ）異種目的配列、（ｉｉ）レトロウイルスＲＴドメインをコードする核酸、又は（ｉｉｉ）（ｉ）及び（ｉｉ）。
【１０９０】
一部の実施形態では、システムは組織特異的プロモータを含み、システムは１つ又は複数の組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を更に含み、ここで、（ｉ）組織特異的プロモータは、（Ｉ）異種目的配列、（ＩＩ）レトロウイルスＲＴドメインをコードする核酸、又は（ＩＩＩ）（ｉ）及び（ｉｉ）と機能的に関連している；且つ／又は（ｉｉ）１つ又は複数の組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列は、（Ｉ）異種目的配列、（ＩＩ）レトロウイルスＲＴをコードする核酸、又は（ＩＩＩ）（ｉ）及び（ｉｉ）と機能的に関連している。
【１０９１】
一部の実施形態では、（ａ）は、ポリペプチドをコードする核酸を含み、核酸は、ポリペプチドをコードする核酸と機能的に関連するプロモータを含む。
【１０９２】
一部の実施形態では、ポリペプチドをコードする核酸は、ポリペプチドコード配列と機能的に関連する標的組織に特異的な１つ又は複数の第２組織特異的発現制御配列を含む。
【１０９３】
一部の実施形態では、１つ又は複数の第２組織特異的発現制御配列は、組織特異的プロモータを含む。
【１０９４】
一部の実施形態では、組織特異的プロモータは、ポリペプチドをコードする核酸と機能的に関連するプロモータである。
【１０９５】

一部の実施形態では、１つ又は複数の第２組織特異的発現制御配列は、組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を含む。

【１０９６】

一部の実施形態では、ポリペプチドをコードする核酸と機能的に関連するプロモータは、組織特異的プロモータであり、システムは、１つ又は複数の組織特異的マイクロＲＮＡ認識配列を更に含む。

【１０９７】

一部の実施形態では、本発明によって提供されるシステムの核酸成分は、タンパク質発現レベルを改変する非翻訳領域（ＵＴＲ）に隣接する配列（例えば、ポリペプチドをコードするか、又は異種目的配列を含む）である。様々な５’及び３’ＵＴＲがタンパク質発現に影響を与え得る。例えば、一部の実施形態では、コード配列は、ＲＮＡの安定性又はタンパク質翻訳を修飾する５’ＵＴＲが先行し得る。一部の実施形態では、配列の後に、ＲＮＡの安定性又は翻訳を修飾する３’ＵＴＲが続き得る。一部の実施形態では、配列は、ＲＮＡの安定性又は翻訳を修飾するように、５’ＵＴＲが先行し、３’ＵＴＲが後続し得る。一部の実施形態では、５’及び／又は３’ＵＴＲは、補体因子３（Ｃ３）（ＣＡＣＴＣＣＴＣＣＣＣＡＴＣＣＴＣＴＣＣＣＴＣＴＧＴＣＣＣＴＣＴＧＴＣＣＣＴＣＴＧＡＣＣＣＴＧＣＡＣＴＧＴＣＣＣＡＧＣＡＣＣ；配列番号１１，００４）又はオロソムコイド１（ＯＲＭ１）（ＣＡＧＧＡＣＡＣＡＧＣＣＴＴＧＧＡＴＣＡＧＧＡＣＡＧＡＧＡＣＴＴＧＧＧＧＧＣＣＡＴＣＣＴＧＣＣＣＣＴＣＣＡＡＣＣＣＧＡＣＡＴＧＴＧＴＡＣＣＴＣＡＧＣＴＴＴＴＴＣＣＣＴＣＡＣＴＴＧＣＡＴＣＡＡＴＡＡＡＧＣＴＴＣＴＧＴＧＴＴＴＧＧＡＡＣＡＧＣＴＡＡ；配列番号１１，００５）の５’及び３’ＵＴＲから選択され得る（Ａｓｒａｎｉ　ｅｔ　ａｌ．ＲＮＡ　Ｂｉｏｌｏｇｙ　２０１８）。特定の実施形態では、５’ＵＴＲはＣ３からの５’ＵＴＲであり、３’ＵＴＲはＯＲＭ１からの３’ＵＴＲである。特定の実施形態では、タンパク質発現のための５’ＵＴＲ及び３’ＵＴＲ、例えば、遺伝子組換えポリペプチド若しくは異種目的配列のためのｍＲＮＡ（又はＲＮＡをコードするＤＮＡ）は、最適化された発現配列を含む。一部の実施形態では、例えば、Ｒｉｃｈｎｅｒ　ｅｔ　ａｌ．Ｃｅｌｌ　１６８（６）：Ｐ１１１４－１１２５（２０１７）（その配列は、参照により本明細書に組み込まれる）に記載されているように、５’ＵＴＲは、ＧＧＧＡＡＡＵＡＡＧＡＧＡＧＡＡＡＡＧＡＡＧＡＧＵＡＡＧＡＡＧＡＡＡＵＡＵＡＡＧＡＧＣＣＡＣＣ（配列番号１１，００６）を含み、及び／又は３’ＵＴＲは、ＵＧＡＵＡＡＵＡＧＧＣＵＧＧＡＧＣＣＵＣＧＧＵＧＧＣＣＡＵＧＣＵＵＣＵＵＧＣＣＣＣＵＵＧＧＧＣＣＵＣＣＣＣＣＣＡＧＣＣＣＣＵＣＣＵＣＣＣＣＵＵＣＣＵＧＣＡＣＣＣＧＵＡＣＣＣＣＣＧＵＧＧＵＣＵＵＵＧＡＡＵＡＡＡＧＵＣＵＧＡ（配列番号１１，００７）を含む。

【１０９８】

一部の実施形態では、５’及び／又は３’ＵＴＲを選択して、タンパク質発現が増強され得る。一部の実施形態では、過剰産生阻害が最小限に抑えられるようにタンパク質発現を修飾するように、５’及び／又は３’ＵＴＲを選択し得る。一部の実施形態では、ＵＴＲはコード配列の周囲にあり、例えば、コード配列の外側にあり、他の実施形態では、コード配列に近接している。一部の実施形態では、更なる調節エレメント（例えば、ｍｉＲＮＡ結合部位、シス調節部位）がＵＴＲに含まれる。

【１０９９】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムのオープンリーディングフレーム、例えば、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｍＲＮＡ（若しくはｍＲＮＡをコードするＤＮＡ）のＯＲＦ又は異種目的配列のｍＲＮＡ（若しくはｍＲＮＡをコードするＤＮＡ）の１つ若しくは複数のＯＲＦは、その発現を増強する、５’及び／又は３’非翻訳領域（ＵＴＲ）によりフランキングされている。一部の実施形態では、システムのｍＲＮＡ成分（又はＤＮＡ成分から産生された転写物）の５’ＵＴＲは、配列５’－ＧＧＧＡＡＡＵＡＡＧＡＧＡＧＡＡＡＡＧＡＡＧＡＧＵＡＡＧＡＡＧＡＡＡＵＡＵＡＡＧＡＧＣＣＡＣＣ－３’；配列番号１１，００８）を含む。一部の実施形態では、システムのｍＲＮＡ成分（又はＤＮＡ成分から産生された転写物）の３’ＵＴＲは、配列５’－ＵＧＡＵＡＡＵＡＧＧＣＵＧＧ

ＡＧＣＣＵＣＧＧＵＧＧＣＣＡＵＧＣＵＵＣＵＵＧＣＣＣＣＵＵＧＧＧＣＣＵＣＣＣＣＣＣＡＧＣＣＣＣＵＣＣＵＣＣＣＣＣＵＵＣＣＵＧＣＡＣＣＣＧＵＡＣＣＣＣＣＧＵＧＧＵＣＵＵＵＧＡＡＵＡＡＡＧＵＣＵＧＡ－３’（配列番号１１，００９）を含む。５’ＵＴＲ及び３’ＵＴＲのこの組合せは、Ｒｉｃｈｎｅｒ ｅｔ ａｌ．Ｃｅｌｌ １６８（６）：Ｐ１１１４－１１２５（２０１７）（その教示内容及び配列は、参照により本明細書に組み込まれる）により、作動可能に連結したＯＲＦの所望の発現をもたらすことが明らかにされている。一部の実施形態では、本明細書に記載のシステムは、転写物をコードするＤＮＡを含み、この場合、上記ＤＮＡは、上に挙げた配列中のＵをＴで置換した、対応する５’ＵＴＲ及び３’ＵＴＲを含む。一部の実施形態では、システムのＲＮＡ成分を生産するために用いられるＤＮＡベクターは、インビトロ転写を開始するために、５’ＵＴＲの上流にプロモータ、例えば、Ｔ７、Ｔ３、又はＳＰ６プロモータを含む。上記の５’ＵＴＲは、ＧＧＧで開始するが、これは、Ｔ７ ＲＮＡポリメラーゼを用いた転写を最適化するのに好適な開始である。代替５’ＵＴＲに適合するように、転写レベルを調整し、且つ転写開始部位ヌクレオチドを改変するために、Ｄａｖｉｄｓｏｎ ｅｔ ａｌ．Ｐａｃ Ｓｙｍｐ Ｂｉｏｃｏｍｐｕｔ ４３３－４４３（２０１０）の教示には、これらの特性の両方を満たすＴ７プロモータ変異体、及びそれを見出す方法が記載されている。

【１１００】

ウイルスベクター及びその成分

ウイルスは、例えば、本明細書で使用されるポリメラーゼ及びポリメラーゼ機能、例えば、ＤＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ、ＲＮＡ依存性ＲＮＡポリメラーゼ、ＲＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ、ＤＮＡ依存性ＲＮＡポリメラーゼ、逆転写酵素の供給源として、本明細書に記載の関連酵素又はドメインの供給源に加え、本明細書に記載のシステムのための送達ビヒクルの有用な供給源である。一部の酵素、例えば、逆転写酵素は、複数の活性を有する可能性があり、例えば、ＲＮＡ依存性ＤＮＡ重合及びＤＮＡ依存性ＤＮＡ重合の両方（例えば、第１及び第２の鎖合成）が可能であり得る。一部の実施形態では、遺伝子組換え送達システム又はその成分の供給源として使用されるウイルスは、Ｂａｌｔｉｍｏｒｅ Ｂａｃｔｅｒｉｏｌ Ｒｅｖ ３５（３）：２３５－２４１（１９７１）により記載される一群から選択され得る。

【１１０１】

一部の実施形態では、ウイルスは、Ｉ群ウイルスから選択され、例えば、ＤＮＡウイルスであり、ｄｓＤＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、Ｉ群ウイルスは、例えば、アデノウイルス（Ａｄｅｎｏｖｉｒｕｓ）、ヘルペスウイルス（Ｈｅｒｐｅｓｖｉｒｕｓ）、ポックスウイルス（Ｐｏｘｖｉｒｕｓ）から選択される。

【１１０２】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＩＩ群ウイルスから選択され、例えば、ＤＮＡウイルスであり、ｓｓＤＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＩ群ウイルスは、例えば、パルボウイルス（Ｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、パルボウイルス（ｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）は、ディペンドパルボウイルス属（ｄｅｐｅｎｄｏｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）、例えば、アデノ随伴ウイルス（ａｄｅｎｏ－ａｓｓｏｃｉａｔｅｄ ｖｉｒｕｓ）（ＡＡＶ）である。

【１１０３】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＩＩＩ群ウイルスから選択され、例えば、ＲＮＡウイルスであり、ｄｓＲＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＩＩ群ウイルスは、例えば、レオウイルス（Ｒｅｏｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｄｓＲＮＡの一方又は両方の鎖は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。

【１１０４】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＩＶ群ウイルスから選択され、例えば、ＲＮＡウイ

ルスであり、ｓｓＲＮＡ（＋）をビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＶ群ウイルスは、例えば、コロナウイルス（Ｃｏｒｏｎａｖｉｒｕｓ）、ピコルナウイルス（Ｐｉｃｏｒｎａｖｉｒｕｓ）、トガウイルス（Ｔｏｇａｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｓｓＲＮＡ（＋）は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。

【１１０５】

一部の実施形態では、ウイルスは、Ｖ群ウイルスから選択され、例えば、ＲＮＡウイルスであり、ｓｓＲＮＡ（－）をビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＩＶ群ウイルスは、例えば、オルトミクソウイルス（Ｏｒｔｈｏｍｙｘｏｖｉｒｕｓｅｓ）、ラブドウイルス（Ｒｈａｂｄｏｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、ｓｓＲＮＡ（－）ゲノムを有するＲＮＡウイルスは、ビリオン内部に、ウイルスゲノムと一緒に宿主細胞に形質導入される酵素（例えば、ＲＮＡ依存性ＲＮＡポリメラーゼ）も担持しており、これは、ｓｓＲＮＡ（－）を、宿主によって直接翻訳され得るｓｓＲＮＡ（＋）にコピーすることができる。

【１１０６】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＶＩ群ウイルスから選択され、例えば、レトロウイルス（ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）であり、ｓｓＲＮＡ（＋）をビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＶＩ群ウイルスは、例えば、レトロウイルスから選択される。一部の実施形態では、レトロウイルス（ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）は、レンチウイルス（ｌｅｎｔｉｖｉｒｕｓ）、例えば、ＨＩＶ－１、ＨＩＶ－２、ＳＩＶ、ＢＩＶである。一部の実施形態では、レトロウイルスは、スプマウイルス（ｓｐｕｍａｖｉｒｕｓ）、例えば、フォーミーウイルス（ｆｏａｍｙ　ｖｉｒｕｓ）、例えば、ＨＦＶ、ＳＦＶ、ＢＦＶである。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｓｓＲＮＡ（＋）は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。一部の実施形態では、ｓｓＲＮＡ（＋）は、まず逆転写され、コピーされて、ｄｓＤＮＡゲノム中間体を生成し、そこからｍＲＮＡが宿主に転写され得る。一部の実施形態では、ｓｓＲＮＡ（＋）ゲノムを有するＲＮＡウイルスは、ビリオン内部に、ウイルスゲノムと一緒に宿主細胞に形質導入される酵素（例えば、ＲＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ）も担持しており、これは、ｓｓＲＮＡ（＋）をｄｓＤＮＡにコピーすることができ、このｄｓＤＮＡは、宿主によりｍＲＮＡに転写されて、翻訳され得る。一部の実施形態では、ＶＩ群レトロウイルス由来の逆転写酵素は、遺伝子組換えポリペプチドの逆転写酵素ドメインとして組み込まれる。

【１１０７】

一部の実施形態では、ウイルスは、ＶＩＩ群ウイルスから選択され、例えば、レトロウイルス（ｒｅｔｒｏｖｉｒｕｓ）であり、ｄｓＲＮＡをビリオンにパッケージングする。一部の実施形態では、ＶＩＩ群ウイルスは、例えば、ヘパドナウイルス（Ｈｅｐａｄｎａｖｉｒｕｓ）から選択される。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｄｓＲＮＡの一方又は両方の鎖は、宿主細胞への形質導入時にｍＲＮＡとして直接役立ち得るコーディング分子であり、例えば、介在核酸複製又は重合ステップを一切必要とせずに、宿主細胞への形質導入時に、タンパク質に直接翻訳され得る。一部の実施形態では、こうしたビリオンに含有されるｄｓＲＮＡの一方又は両方の鎖は、まず逆転写され、コピーされて、ｄｓＤＮＡゲノム中間体を生成し、そこからｍＲＮＡが宿主に転写され得る。一部の実施形態では、ｄｓＲＮＡゲノムを有するＲＮＡウイルスは、ビリオン内部に、ウイルスゲノムと一緒に宿主細胞に形質導入される酵素（例えば、ＲＮＡ依存性ＤＮＡポリメラーゼ）も担持しており、これは、ｄｓＲＮＡをｄｓＤＮＡにコピーすることができ、このｄｓＤＮＡは、宿主によりｍＲＮＡに転写されて、翻訳され得る。一部の実施形態では、ＶＩＩ群レトロウイルス由来の逆転写酵素は、遺伝子組換えポリペプチドの逆転写酵素ド

メインとして組み込まれる。

【１１０８】

一部の実施形態では、本発明で核酸を送達するために用いられるビリオンは、遺伝子組換えのプロセスに関与する酵素も担持し得る。例えば、レトロウイルスビリオンは、核酸と一緒に宿主細胞に送達される逆転写酵素ドメインを含有し得る。一部の実施形態では、ＲＮＡ鋳型は、ビリオン内の遺伝子組換えポリペプチドを随伴し得、それにより、両方が、ウイルス粒子からの核酸の形質導入時に標的細胞に同時送達される。一部の実施形態では、ビリオン内の核酸は、ＤＮＡ、例えば、線状ｓｓＤＮＡ、線状ｄｓＤＮＡ、環状ｓｓＤＮＡ、環状ｄｓＤＮＡ、ミニサークルＤＮＡ、ｄｂＤＮＡ、ｃｅＤＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ビリオン内の核酸は、ＲＮＡ、例えば、線状ｓｓＲＮＡ、線状ｄｓＲＮＡ、環状ｓｓＲＮＡ、環状ｄｓＲＮＡを含み得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、宿主細胞への形質導入時に環状化され得、例えば、線状ｓｓＲＮＡ分子は、共有結合を経て、環状ｓｓＲＮＡを形成することができ、線状ｄｓＲＮＡ分子は、共有結合を経て、環状ｄｓＲＮＡ又は１つ若しくは複数の環状ｓｓＲＮＡを形成し得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、宿主細胞内でのローリングサークル複製により複製し得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、単一核酸分子を含み得、例えば非セグメント化ゲノムを含み得る。一部の実施形態では、ウイルスゲノムは、２つ以上の核酸分子を含み得、例えばセグメント化ゲノムを含み得る。一部の実施形態では、ビリオン内の核酸は１つ若しくは複数のタンパク質を随伴し得る。一部の実施形態では、ビリオン内の１つ又は複数のタンパク質を、形質導入時に宿主細胞に送達することができる。一部の実施形態では、標的核酸に対するビリオンパッケージングシグナルの付加により、天然ウイルスを核酸の送達のために改変し得、その場合、宿主細胞を用いて、パッケージングシグナルを含有する標的核酸をパッケージングする。

【１１０９】

一部の実施形態では、送達ビヒクルとして用いられるビリオンは、片利ヒトウイルスを含み得る。一部の実施形態では、送達ビヒクルとして用いられるビリオンは、アネロウイルス（ａｎｅｌｌｏｖｉｒｕｓ）を含み得、その使用は、国際公開第２０１８２３２０１７Ａ１号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１１１０】

ＡＡＶ投与

一部の実施形態では、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）が、本明細書に記載されるシステム、鋳型核酸、及び／又はポリペプチドと一緒に使用される。一部の実施形態では、ＡＡＶは、本明細書に記載のシステム、鋳型核酸、及び／又はポリペプチドを送達、投与、又はパッケージングするために使用される。一部の実施形態では、ＡＡＶは組換えＡＡＶ（ｒＡＡＶ）である。

【１１１１】

一部の実施形態では、システムは、（ａ）本明細書に記載のポリペプチド又はそれをコードする核酸、（ｂ）本明細書に記載の鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）、及び（ｃ）標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列を含み、ここで、標的組織に特異的な１つ又は複数の第１組織特異的発現制御配列は、（ａ）、（ｂ）、又は（ａ）及び（ｂ）と機能的に関連しており、（ａ）と関連する場合、（ａ）はポリペプチドをコードする核酸を含む。

【１１１２】

一部の実施形態では、本明細書に記載のシステムは、第１組換えアデノ随伴ウイルス（ｒＡＡＶ）カプシドタンパク質を更に含み、ここで、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、ＡＡＶ逆位末端リピート（ＩＴＲ）が隣接している。

【１１１３】

一部の実施形態では、（ａ）及び（ｂ）は、第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し

ている。
【１１１４】
一部の実施形態では、（ａ）及び（ｂ）は単一核酸上にある。
【１１１５】
一部の実施形態では、システムは、第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質を更に含み、ここで、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し、第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合する（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合する（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つと異なる。
【１１１６】
一部の実施形態では、（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つは、第１又は第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質と会合し、第１又は第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質の内部に分散しており、ここで、第１又は第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質は、ＡＡＶカプシド粒子の形態である。
【１１１７】
一部の実施形態では、システムはナノ粒子を更に含み、ナノ粒子は（ａ）又は（ｂ）の少なくとも１つと会合している。
【１１１８】
一部の実施形態では、（ａ）及び（ｂ）は、それぞれａ）第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質及び第２ｒＡＡＶカプシドタンパク質；ｂ）ナノ粒子及び第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質；ｃ）第１ｒＡＡＶカプシドタンパク質；ｄ）第１アデノウイルスカプシドタンパク質；ｅ）第１ナノ粒子及び第２ナノ粒子；又はｆ）第１ナノ粒子と会合している。
【１１１９】
ウイルスベクターは、本発明によって提供されるシステムの全部又は一部を送達するために、例えば、本発明によって提供される方法における使用のために有用である。ポリペプチド又は核酸の送達には、異なるウイルスに由来するシステムが採用されており、例えば、インテグラーゼ欠損レンチウイルス、アデノウイルス、アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）、単純ヘルペスウイルス、バキュロウイルス（Ｈｏｄｇｅ ｅｔ ａｌ．Ｈｕｍ Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ ２０１７；Ｎａｒａｙａｎａｖａｒｉ ｅｔ ａｌ．Ｃｒｉｔ Ｒｅｖ Ｂｉｏｃｈｅｍ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ ２０１７；Ｂｏｅｈｍｅ ｅｔ ａｌ．Ｃｕｒｒ Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ ２０１５で論評される）である。
【１１２０】
アデノウイルスは、明確に定義された生物学、遺伝的安定性、高い形質導入効率、及び大規模生産の容易さを考慮して、遺伝子送達ビヒクルとして使用されてきた一般的なウイルスである（例えば、Ｌｅｅ ｅｔ ａｌ．Ｇｅｎｅｓ ＆ Ｄｉｓｅａｓｅｓ ２０１７による論評を参照）。それらは線状ｄｓＤＮＡゲノムを有し、組織と細胞の向性が異なる様々な血清型がある。レシピエント細胞での感染性ウイルスの複製を防ぐために、パッケージングに使用されるアデノウイルスゲノムは、ウイルス産生細胞にトランスで提供される内因性ウイルスタンパク質の一部又は全てが欠失している。これにより、ゲノムはヘルパー依存性となる。つまり、ゲノムは、いわゆるヘルパー機能によって提供される欠損成分の存在下でのみ複製され、ウイルス粒子にパッケージングされる。全てのウイルスＯＲＦが除去されたヘルパー依存性アデノウイルスシステムは、最大３７ｋｂの外来ＤＮＡのパッケージングと適合性であり得る（Ｐａｒｋｓ ｅｔ ａｌ．Ｊ Ｖｉｒｏｌ １９９７）。一部の実施形態では、アデノウイルスベクターは、遺伝子組換えシステムのポリペプチド又は鋳型成分に対応するＤＮＡを送達するために使用されるか、又は両方が別々の若しくは同じアデノウイルスベクターに含まれる。一部の実施形態では、アデノウイルスは、自己パッケージングができないヘルパー依存性アデノウイルス（ＨＤ－ＡｄＶ）である。一部の実施形態では、アデノウイルスは、アデノウイルス粒子へのパッケージングに必要な配列成分を保持しながら、内因性ウイルスＯＲＦの全て又は実質的な部分が欠失した高容量アデノウイルス（ＨＣ－ＡｄＶ）である。このベクター型の場合、ゲノムパッケージングに必要な唯一のアデノウイルス配列は、非コード配列：両端の逆位末端リピー

ト（ＩＴＲ）及び５’末端のパッケージングシグナルである（Ｊａｇｅｒ　ｅｔ　ａｌ．Ｎａｔ　Ｐｒｏｔｏｃ　２００９）。一部の実施形態では、アデノウイルスゲノムは、最適な産生及び安定性のための最小ゲノムサイズを満たすスタッファーＤＮＡも含む（例えば、Ｈａｕｓｌ　ｅｔ　ａｌ．Ｍｏｌ　Ｔｈｅｒ　２０１０を参照）。一部の実施形態では、アデノウイルスを使用して、遺伝子組換えシステムを肝臓に送達する。

【１１２１】

一部の実施形態では、アデノウイルスを使用して、遺伝子組換えシステムをＨＳＣ、例えば、ＨＤＡｄ５／３５＋＋に送達する。ＨＤＡｄ５／３５＋＋は、肝臓からベクターの標的を外す、血清型３５線維が改変されたアデノウイルスである（Ｗａｎｇ　ｅｔ　ａｌ．Ｂｌｏｏｄ　Ａｄｖ　２０１９）。一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムをＨＳＣに送達するアデノウイルスは、原始ＨＳＣ上で特異的に発現される受容体、例えばＣＤ４６を利用する。

【１１２２】

アデノ随伴ウイルス（ＡＡＶ）はパルボウイルス（ｐａｒｖｏｖｉｒｉｄａｅ）科に属し、より具体的にはディペンドパルボウイルス（ｄｅｐｅｎｄｏｐａｒｖｏｖｉｒｕｓ）属を構成する。ＡＡＶゲノムは、約４．７キロベース（ｋｂ）を含む線状一本鎖ＤＮＡ分子で構成され、非構造Ｒｅｐ（複製）及び構造Ｃａｐ（カプシド）タンパク質をコードする２つの主要なオープンリーディングフレーム（ＯＲＦ）で構成される。アセンブリー活性化タンパク質（ＡＡＰ）をコードするキャップ遺伝子内の第２ＯＲＦが同定された。ＡＡＶコード領域に隣接するＤＮＡは、長さが約１４５ヌクレオチドの２つのシス作用性逆位末端リピート（ＩＴＲ）配列であり、ＤＮＡ複製のプライマーとして機能するエネルギー的に安定したヘアピン構造に折りたたむことができる中断されたパリンドローム配列を有する。ＤＮＡ複製におけるその役割に加え、ＩＴＲ配列は、ウイルスＤＮＡの細胞ゲノムへの組込み、宿主ゲノム又はプラスミドからのレスキュー、及びウイルス核酸の成熟ビリオンへのカプシド形成に関与することが示されている（Ｍｕｚｙｃｚｋａ，（１９９２）Ｃｕｒｒ．Ｔｏｐ．Ｍｉｃｒｏ．Ｉｍｍｕｎｏｌ．１５８：９７－１２９）。一部の実施形態では、１つ又は複数の遺伝子組換え核酸成分は、ウイルスパッケージングのためにＡＡＶに由来するＩＴＲが隣接する。例えば、国際公開第２０１９１１３３１０号パンフレットを参照されたい。

【１１２３】

一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムの１つ又は複数の成分が、少なくとも１つのＡＡＶベクターを介して輸送される。一部の実施形態では、少なくとも１つのＡＡＶベクターは、特定の細胞、組織、生物に対する向性について選択される。一部の実施形態では、ＡＡＶベクターはシュードタイプ化され（例えば、ＡＡＶ２／８）、ここで、ＡＡＶ２は構築物の設計を表すが、カプシドタンパク質はＡＡＶ８由来のものに置換される。記載されるベクターはいずれも、ＡＡＶゲノムをパッケージングするために使用されるカプシドタンパク質が異なるＡＡＶ血清型のものに由来するシュードタイプ誘導体であり得ることが理解される。ベクターの選択において制限されることを意図しないが、例示的なＡＡＶ血清型のリストは、表１８に見出すことができる。一部の実施形態では、遺伝子組換えに使用されるＡＡＶは、文献（例えば、Ｄａｖｉｄｓｓｏｎ　ｅｔ　ａｌ．Ｐｒｏｃ　Ｎａｔｌ　Ａｃａｄ　Ｓｃｉ　Ｕ　Ｓ　Ａ　２０１９）で示されているように、新規細胞又は組織の向性について進化し得る。

【１１２４】

一部の実施形態では、ＡＡＶ送達ベクターは、２つのＡＡＶ逆位末端リピート（ＩＴＲ）及び目的のヌクレオチド配列（例えば、遺伝子組換えポリペプチド若しくはＤＮＡ鋳型又はその両方をコードする配列）を有するベクターであり、前記ＩＴＲはそれぞれ中断された（又は不連続な）パリンドローム配列、すなわち、３つのセグメント：５’→３’で読むと同一であるが、互いに反対に配置するとハイブリダイズする、最初のセグメント及び最後のセグメント並びに同一のセグメントを分離する異なるセグメントから構成される配列を有する。例えば、国際公開第２０１２１２３４３０号パンフレットを参照されたい。

【１１２５】
従来、カプシドを有するＡＡＶビリオンは、ｒＡＡＶ又はｓｃＡＡＶゲノム、Ｒｅｐタンパク質、及びＣａｐタンパク質をコードする１つ又は複数のプラスミドを導入することによって産生される（Ｇｒｉｍｍ　ｅｔ　ａｌ，１９９８）。これらのヘルパープラスミドがトランスで導入されると、ＡＡＶゲノムは宿主ゲノムから「レスキュー」され（すなわち、放出され、その後回復される）、更にカプシド化されて感染性ＡＡＶが産生される。一部の実施形態では、１つ又は複数の遺伝子組換え核酸は、ＩＴＲ隣接核酸をヘルパー機能と一緒にパッケージング細胞に導入することにより、ＡＡＶ粒子にパッケージングされる。

【１１２６】
一部の実施形態では、ＡＡＶゲノムは、ＩＴＲ間に位置する配列が、所望の核酸配列の逆相補体に加えて、所望の核酸配列（例えば、遺伝子組換えポリペプチド又は鋳型をコードするＤＮＡ、又はその両方）の両方を含み、これら２つの成分が折り畳まれて自己ハイブリダイズできるようにするように、いわゆる自己相補性ゲノム（ｓｃＡＡＶと呼ばれる）である。一部の実施形態では、自己相補性モジュールは、ＤＮＡがそれ自体に折り畳まれる（例えば、ステムループを形成する）ことを可能にする介在配列によって分離される。ｓｃＡＡＶには、最初にＩＴＲプライミングと第２の鎖合成に依存してｄｓＤＮＡを形成するのではなく、核に入ると転写の準備ができているという利点がある。一部の実施形態では、１つ又は複数の遺伝子組換え成分がｓｃＡＡＶとして設計され、ここで、ＡＡＶＩＴＲ間の配列は、自己ハイブリダイズしてｄｓＤＮＡを生成することができる２つの逆相補モジュールを含む。

【１１２７】
一部の実施形態では、細胞に送達される核酸（例えば、ポリペプチド、又は鋳型、又はその両方をコードする）は、閉鎖型線状デュープレックスＤＮＡ（ＣＥＬｉＤ　ＤＮＡ又はｃｅＤＮＡ）である。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡは、ＡＡＶゲノムの複製形態に由来する（Ｌｉ　ｅｔ　ａｌ．ＰＬｏＳ　Ｏｎｅ　２０１３）。一部の実施形態では、核酸（例えば、ポリペプチド若しくは鋳型ＤＮＡ、又はその両方をコードする）は、ＩＴＲ、例えば、ＡＡＶ　ＩＴＲによって隣接され、ここで、ＩＴＲの少なくとも１つは、末端分解部位及び複製タンパク質結合部位（複製タンパク質結合部位と呼ばれることもある）を含む。一部の実施形態では、ＩＴＲは、アデノ随伴ウイルス、例えば、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ３、ＡＡＶ４、ＡＡＶ５、ＡＡＶ６、ＡＡＶ７、ＡＡＶ８、ＡＡＶ９、ＡＡＶ１０、ＡＡＶ１１、ＡＡＶ１２、又はそれらの組み合わせに由来する。一部の実施形態では、ＩＴＲは対称的である。一部の実施形態では、ＩＴＲは非対称的である。一部の実施形態では、構築物の複製を可能にするために、少なくとも１つのＲｅｐタンパク質が提供される。一部の実施形態では、少なくとも１つのＲｅｐタンパク質は、アデノ随伴ウイルス、例えば、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ３、ＡＡＶ４、ＡＡＶ５、ＡＡＶ６、ＡＡＶ７、ＡＡＶ８、ＡＡＶ９、ＡＡＶ１０、ＡＡＶ１１、ＡＡＶ１２、又はそれらの組み合わせに由来する。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡは、産生細胞に、（ｉ）ＩＴＲ、例えば、ＡＡＶ　ＩＴＲが隣接するＤＮＡ、及び（ｉｉ）ＩＴＲ依存性複製に必要な成分、例えばＡＡＶタンパク質Ｒｅｐ７８及びＲｅｐ５２（又はタンパク質をコードする核酸）を提供することによって生成される。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡは、カプシドタンパク質を含まず、例えば、感染性ＡＡＶ粒子にパッケージングされていない。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡはＬＮＰに製剤化される（例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ１号パンフレットを参照）。

【１１２８】
一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡベクターは、２つの自己相補的配列、例えば、本明細書で定義される非対称又は対称又は実質的に対称なＩＴＲからなり、前記発現カセットに隣接し、ここで、ｃｅＤＮＡベクターはカプシドタンパク質と会合していない。一部の実施形態では、ｃｅＤＮＡベクターは、ＡＡＶゲノムに見出される２つの自己相補性配列を含み、ここで、少なくとも１つのＩＴＲは、作動可能なＲｅｐ結合エレメント（ＲＢＥ）

（本明細書では「ＲＢＳ」とも呼ばれることもある）及びＡＡＶ又はＲＢＥの機能的バリアントの末端分解部位（ｔｒｓ）を含む。例えば、国際公開第２０１９１１３３１０号パンフレットを参照されたい。

【１１２９】

一部の実施形態では、ＡＡＶゲノムは、４つの複製タンパク質及び３つのカプシドタンパク質をそれぞれコードする２つの遺伝子を含む。一部の実施形態では、これらの遺伝子は、１４５ｂｐ逆位末端配列（ＩＴＲ）により両側がフランキングされている。一部の実施形態では、ビリオンは、例えば、１：１：１０の比で産生される、最大３つのカプシドタンパク質（Ｖｐ１、Ｖｐ２、及び／又はＶｐ３）を含む。一部の実施形態では、カプシドタンパク質は、同じオープンリーディングフレーム及び／又は異なるスプライシング（Ｖｐ１）並びに別の翻訳開始部位（それぞれＶｐ２及びＶｐ３）から産生される。一般に、Ｖｐ３は、ビリオン中で最も豊富なサブユニットであり、細胞表面での受容体認識に参加して、ウイルスの屈性を定める。一部の実施形態では、Ｖｐ１は、例えばＶｐ１のＮ末端において、ウイルスの感染力において機能するホスホリパーゼドメインを含む。

【１１３０】

一部の実施形態では、ウイルスベクターのパッケージング能力は、ベクターにパッケージングされ得る遺伝子組換えシステムのサイズを制限する。例えば、ＡＡＶのパッケージング能力は、例えば、１つ又は２つの逆位末端配列（ＩＴＲ）、例えば、１４５塩基ＩＴＲを含め、約４．５ｋｂ（例えば、約３．０、３．５、４．０、４．５、５．０、５．５若しくは６．０ｋｂ）であり得る。

【１１３１】

一部の実施形態では、組換えＡＡＶ（ｒＡＡＶ）は、ベクター導入遺伝子カセットをフランキングするシス作用性１４５ｂｐ　ＩＴＲを含み、例えば、外来ＤＮＡのパッケージングのために最大４．５ｋｂを提供する。感染の後、ｒＡＡＶは、いくつかの事例において、本発明の融合タンパク質を発現し、円形の頭－尾コンカテマー内にエピソームとして存在することにより、宿主ゲノムに組み込まれることなく存続する。ｒＡＡＶは、例えば、インビトロ及びインビボで使用することができる。一部の実施形態では、ＡＡＶ媒介遺伝子送達のためには、遺伝子のコーディング配列の長さが野生型ＡＡＶゲノムと等しいか、又はそれ以上である必要がある。

【１１３２】

上記サイズを超える遺伝子のＡＡＶ送達及び／又は大きい生理学的調節エレメントの使用は、例えば、送達しようとするタンパク質を２つ以上の断片に分割することにより、達成することができる。一部の実施形態では、Ｎ－末端断片をインテイン－Ｎ配列と融合させる。一部の実施形態では、Ｃ－末端断片をインテイン－Ｃ配列と融合させる。複数の実施形態では、上記断片を２つ以上のＡＡＶベクターにパッケージングする。

【１１３３】

一部の実施形態では、大きい導入遺伝子発現カセットを２つの個別の半分（５’及び３’末端、又は頭及び尾）に分割することにより、デュアルＡＡＶベクターを作製し、例えば、カセットの各半分を単一のＡＡＶベクター（＜５ｋｂ）にパッケージングする。次に、一部の実施形態では、両方のデュアルＡＡＶベクターによる同じ細胞の同時感染時に、完全長導入遺伝子発現カセットの再アセンブリーを達成することができる。一部の実施形態では、同時感染の後に、以下：（１）５’及び３’ゲノム同士の相同組換え（ＨＲ）（デュアルＡＡＶ重複ベクター）；（２）ＩＴＲ媒介による５’及び３’ゲノムの尾－頭コンカテマー化（デュアルＡＡＶトランス－スプライシングベクター）；及び／又は（３）これら２つの機構の組合せ（デュアルＡＡＶハイブリッドベクター）の１つ若しくは複数が続く。一部の実施形態では、インビボでのデュアルＡＡＶベクターの使用により、完全長タンパク質の発現が達成される。一部の実施形態では、デュアルＡＡＶベクタープラットフォームの使用は、サイズが約４．０、４．１、４．２、４．３、４．４、４．５、４．６、４．７、４．８、４．９、又は５．０ｋｂ超の導入遺伝子のための効率的且つ実行可能な遺伝子移入戦略を表している。一部の実施形態では、ＡＡＶベクターは、例えば、核酸及

びペプチドのインビトロ生産において、標的核酸で細胞を形質導入するために使用することもできる。一部の実施形態では、ＡＡＶベクターは、インビボ及びエクスビボ遺伝子療法手順に使用することができる（例えば、Ｗｅｓｔ　ｅｔ　ａｌ．，Ｖｉｒｏｌｏｇｙ　１６０：３８－４７（１９８７）；米国特許第４，７９７，３６８号明細書；国際公開第９３／２４６４１号パンフレット；Ｋｏｔｉｎ，Ｈｕｍａｎ　Ｇｅｎｅ　Ｔｈｅｒａｐｙ　５：７９３－８０１（１９９４）；Ｍｕｚｙｃｚｋａ，Ｊ．Ｃｌｉｎ．Ｉｎｖｅｓｔ．９４：１３５１（１９９４）を参照されたい；尚、これらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）。組換えＡＡＶベクターの構築については、いくつかの刊行物に記載されており、そうしたものとして、米国特許第５，１７３，４１４号明細書；Ｔｒａｔｓｃｈｉｎ　ｅｔ　ａｌ．，Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．５：３２５１－３２６０（１９８５）；Ｔｒａｔｓｃｈｉｎ，ｅｔ　ａｌ．，Ｍｏｌ．Ｃｅｌｌ．Ｂｉｏｌ．４：２０７２－２０８１（１９８４）；Ｈｅｒｍｏｎａｔ　＆　Ｍｕｚｙｃｚｋａ，ＰＮＡＳ　８１：６４６６－６４７０（１９８４）；及びＳａｍｕｌｓｋｉ　ｅｔ　ａｌ．，Ｊ．Ｖｉｒｏｌ．６３：０３８２２－３８２８（１９８９）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）が挙げられる。

【１１３４】

一部の実施形態では、本明細書に記載の遺伝子組換えポリペプチド（例えば、１つ若しくは複数のガイド核酸を含む、又は含まない）は、ＡＡＶ、レンチウイルス、アデノウイルス、又は他のプラスミド若しくはウイルスベクタータイプを用いて送達することができ、とりわけ、例えば、米国特許第８，４５４，９７２号明細書（アデノウイルス用の製剤、用量）、米国特許第８，４０４，６５８号明細書（ＡＡＶ用の製剤、用量）、及び米国特許第５，８４６，９４６号明細書（ＤＮＡプラスミド用の製剤、用量）並びにレンチウイルス、ＡＡＶ及びアデノウイルスに関係する臨床試験及びそうした臨床試験に関する刊行物から得られる製剤及び用量を用いて、送達することができる。例えば、ＡＡＶの場合、投与経路、製剤及び用量は、米国特許第８，４５４，９７２号明細書に記載される通り、及びＡＡＶに関係する臨床試験に記載の通りであり得る。アデノウイルスの場合、投与経路、製剤及び用量は、米国特許第８，４０４，６５８号明細書に記載される通り、及びアデノウイルスに関係する臨床試験に記載の通りであり得る。プラスミド送達の場合、投与経路、製剤及び用量は、米国特許第５，８４６，９４６号明細書に記載される通り、及びプラスミドに関係する臨床試験に記載の通りであり得る。用量は、平均７０ｋｇの個体（例えば、成人男性）を基準とするか又はそれに外挿され得、異なる体重及び種の患者、対象、哺乳動物について調節することができる。投与頻度は、患者又は対象の年齢、性別、健康全般、他の状態を含む通常の要因並びに対処しようとする具体的な病状又は症状に応じて、医学又は獣医療専門家（例えば、医師、獣医師）の範囲内である。一部の実施形態では、ウイルスベクターを目的の組織に注射することができる。細胞型特異的遺伝子組換えの場合、遺伝子組換えポリペプチド及び任意選択のガイド核酸の発現は、一部の実施形態では、細胞型特異的プロモータによって駆動することができる。

【１１３５】

一部の実施形態では、ＡＡＶは、免疫応答を活性化し得る細胞粒子の超遠心分離を必要としない精製方法のために、低毒性を可能にする。一部の実施形態では、ＡＡＶは、例えば、それが実質的に宿主ゲノムに組み込まれないことから、挿入突然変異誘発を引き起こす低い可能性を可能にする。

【１１３６】

一部の実施形態では、ＡＡＶは、約４．４、４．５、４．６、４．７、又は４．７５ｋｂのパッケージング限度を有する。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドコード化配列、プロモータ、及び転写終結因子は、単一のウイルスベクターに適合し得る。ＳｐＣａｓ９（４．１ｋｂ）は、いくつかの事例では、ＡＡＶにパッケージングするのが困難であり得る。従って、一部の実施形態では、他の遺伝子組換えポリペプチドコード配列又は塩基編集因子より長さが短い遺伝子組換えポリペプチドコード配列が使用される。一部の実施形態では、遺伝子組換えポリペプチドコード化配列は、約４．５ｋｂ、４．４ｋ

ｂ、４．３ｋｂ、４．２ｋｂ、４．１ｋｂ、４ｋｂ、３．９ｋｂ、３．８ｋｂ、３．７ｋｂ、３．６ｋｂ、３．５ｋｂ、３．４ｋｂ、３．３ｋｂ、３．２ｋｂ、３．１ｋｂ、３ｋｂ、２．９ｋｂ、２．８ｋｂ、２．７ｋｂ、２．６ｋｂ、２．５ｋｂ、２ｋｂ、又は１．５ｋｂ未満である。

【１１３７】

ＡＡＶは、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ５又はそれらの任意の組合せであり得る。一部の実施形態では、ＡＡＶの種類は、ターゲティングしようとする細胞に関して選択され；例えば、脳又はニューロン細胞をターゲティングするためには、ＡＡＶ血清型１、２、５若しくはハイブリッドカプシドＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ５又はそれらの任意の組合せを選択することができるか；又は心臓組織をターゲティングするためにＡＡＶ４を選択することができる。一部の実施形態では、肝臓への送達のために、ＡＡＶ８を選択する。これらの細胞に関する例示的なＡＡＶ血清型は、例えば、Ｇｒｉｍｍ，Ｄ．ｅｔ　ａｌ，Ｊ．Ｖｉｒｏｌ．８２：５８８７－５９１１（２００８）（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。一部の実施形態では、ＡＡＶは、あらゆる血清型、サブタイプ、及び天然に存在するＡＡＶ並びに組換えＡＡＶを指す。ＡＡＶが用いられるとき、ウイルス自体又はその誘導体を指す場合もある。一部の実施形態では、ＡＡＶとして、ＡＡＶ１、ＡＡＶ２、ＡＡＶ３、ＡＡＶ３Ｂ、ＡＡＶ４、ＡＡＶ５、ＡＡＶ６、ＡＡＶ６．２、ＡＡＶ７、ＡＡＶｒｈ．６４Ｒｌ、ＡＡＶｈｕ．３７、ＡＡＶｒｈ．８、ＡＡＶｒｈ．３２．３３、ＡＡＶ８、ＡＡＶ９、ＡＡＶ－ＤＪ、ＡＡＶ２／８、ＡＡＶｒｈＬＯ、ＡＡＶＬＫ０３、ＡＶ１０、ＡＡＶ１１、ＡＡＶ　１２、ｒｈＬＯ、及びそれらのハイブリッド、トリＡＡＶ、ウシＡＡＶ、イヌＡＡＶ、ウマＡＡＶ、霊長類ＡＡＶ、非霊長類ＡＡＶ、及びヒツジＡＡＶが挙げられる。ＡＡＶの様々な血清型のゲノム配列並びにネイティブ末端反復（ＴＲ）、Ｒｅｐタンパク質及びカプシドサブユニットの配列は、当技術分野で公知である。こうした配列は、文献又はＧｅｎＢａｎｋなどの公式データベースで見出すことができる。別の例示的なＡＡＶ血清型を表１８に挙げる。

【１１３８】

【表１８】

**表 18. 例示的な AAV 血清型。**

| 標的組織 | ビヒクル | 参照文献 |
|---|---|---|
| 肝臓 | AAV (AAV8[1], AAVrh.8[1], AAVhu.37[1], AAV2/8, AAV2/rh10[2], AAV9, AAV2, NP40[3], NP59[2,3], AAV3B[5], AAV-DJ[4], AAV-LK01[4], AAV-LK02[4], AAV-LK03[4], AAV-LK19[4], AAV5[7]<br>アデノウイルス (Ad5, HC-AdV[6]) | 1. Wang *et al.*, *Mol. Ther.* **18**, 118-25 (2010)<br>2. Ginn *et al.*, *JHEP Reports*, 100065 (2019)<br>3. Paulk *et al.*, *Mol. Ther.* **26**, 289-303 (2018).<br>4. L. Lisowski *et al.*, *Nature.* **506**, 382-6 (2014).<br>5. L. Wang *et al.*, *Mol. Ther.* **23**, 1877-87 (2015).<br>6. Hausl *Mol Ther* (2010)<br>7. Davidoff *et al.*, *Mol. Ther.* 11, 875-88 (2005) |
| 肺 | AAV (AAV4, AAV5, AAV6[1], AAV9, H22[2])<br>アデノウイルス (Ad5, Ad3, Ad21, Ad14)[3] | 1. Duncan *et al.*, *Mol Ther Methods Clin Dev* (2018)<br>2. Cooney *et al.*, Am J Respir Cell Mol Biol (2019)<br>3. Li *et al.*, *Mol Ther Methods Clin Dev* (2019) |
| 皮膚 | AAV (AAV6[1], AAV-LK19[2]) | 1. Petek et al., *Mol. Ther.* (2010)<br>2. L. Lisowski *et al.*, *Nature.* **506**, 382-6 (2014). |
| HSC | アデノウイルス (HDAd5/35$^{++}$) | Wang et al. *Blood Adv* (2019) |

【１１３９】

一部の実施形態では、医薬組成物（例えば、本明細書に記載のＡＡＶを含む）は、１０％未満の空のカプシド、８％未満の空のカプシド、７％未満の空のカプシド、５％未満の空のカプシド、３％未満の空のカプシド、又は１％未満の空のカプシドを有する。一部の実施形態では、医薬組成物は、約５％未満の空のカプシドを有する。一部の実施形態では、空のカプシドの数は、検出限界未満である。一部の実施形態では、例えば、空のカプシドは、有害な反応（例えば、免疫応答、炎症性応答、肝臓の反応、及び／又は心臓の反応）を起こす恐れがあり、例えば、実質的な治療利益がほとんど若しくは全くないことから、医薬組成物は少量の空のカプシドを有するのが有利である。

【１１４０】

一部の実施形態では、医薬組成物中の残留宿主細胞タンパク質（ｒＨＣＰ）は、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１００ｎｇ／ｍｌ以下のｒＨＣＰ、例えば、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり４０ｎｇ／ｍｌ以下のｒＨＣＰ又は１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１～５０ｎｇ／ｍｌのｒＨＣＰである。一部の実施形態では、医薬組成物は、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１０ｎｇ未満のｒＨＣＰ若しくは１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり５ｎｇ未満のｒＨＣＰ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり４ｎｇ未満のｒＨＣＰ若しくは１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり３ｎｇ未満のｒＨＣＰ、又はこれらの間の任意の濃度を含む。一部の実施形態では、医薬組成物中の残留宿主細胞ＤＮＡ（ｈｃＤＮＡ）は、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり５×１０$^{6}$ｐｇ／ｍｌ以下のｈｃＤＮＡ、１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１．２×１０$^{6}$ｐｇ／ｍｌ以下のｈｃＤＮＡ、又は１×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１×１０$^{5}$ｐｇ／ｍｌのｈｃＤＮＡである。一部の実施形態では、前記医薬組成物中の残留宿主細胞ＤＮＡは、１×１０$^{13}$ｖｇ当たり５．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり２．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１．１×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１．０×１０$^{5}$ｐｇ未満のｈｃＤＮＡ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．９×１０$^{5}$ｐｇ未満のｈｃＤＮＡ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．８×１０$^{5}$ｐｇ未満のｈ

ｃＤＮＡ又はこれらの間の任意の濃度である。

【１１４１】

一部の実施形態では、医薬組成物中の残留プラスミドＤＮＡは、１．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１．７×１０$^{5}$ｐｇ／ｍｌ以下、１×１．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１×１０$^{5}$ｐｇ／ｍｌ、又は１．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ当たり１．７×１０$^{6}$ｐｇ／ｍｌである。一部の実施形態では、医薬組成物中の残留ＤＮＡプラスミドは、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり１０．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり８．０×１０$^{5}$ｐｇ未満、又は１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり６．８×１０$^{5}$ｐｇ未満である。一部の実施形態では、医薬組成物は、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．５ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．３ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．２２ｎｇ未満若しくは１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．２ｎｇ未満、又は任意の中間濃度のウシ血清アルブミン（ＢＳＡ）を含む。複数の実施形態では、医薬組成物中のベンゾナーゼは、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．２ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．１ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．０９ｎｇ未満、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり０．０８ｎｇ未満、又は任意の中間濃度である。複数の実施形態では、医薬組成物中のポロキサマー１８８は、約１０～１５０ｐｐｍ、約１５～１００ｐｐｍ又は約２０～８０ｐｐｍである。複数の実施形態では、医薬組成物中のセシウムは、５０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満、３０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満若しくは２０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満、又は任意の中間濃度である。

【１１４２】

複数の実施形態では、医薬組成物は、例えば、ＳＤＳ－ＰＡＧＥにより測定して、１０％未満、８％未満、７％未満、６％未満、５％未満、４％未満、３％未満、２％未満又はそれらの間の任意のパーセンテージの総不純物を含む。複数の実施形態では、総不純物は、例えば、ＳＤＳ－ＰＡＧＥにより測定して、９０％超、９２％超、９３％超、９４％超、９５％超、９６％超、９７％超、９８％超又はそれらの間の任意のパーセンテージである。複数の実施形態では、単一の不特定関連不純物はいずれも、例えば、ＳＤＳ－ＰＡＧＥにより測定して、５％超、４％超、３％超若しくは２％超又はそれらの間の任意のパーセンテージである。複数の実施形態では、医薬組成物は、総カプシド（分析用超遠心により測定して、ピーク１＋ピーク２）に対して、８５％超、８６％超、８７％超、８８％超、８９％超、９０％超、９１％超、９１．９％超、９２％超、９３％超のパーセンテージ又はそれらの間の任意のパーセンテージの充填カプシドを含む。医薬組成物の複数の実施形態では、分析用超遠心によりピーク１で測定した充填カプシドのパーセンテージは、２０～８０％、２５～７５％、３０～７５％、３５～７５％、又は３７．４～７０．３％である。医薬組成物の複数の実施形態では、分析用超遠心によりピーク２で測定した充填カプシドのパーセンテージは、２０～８０％、２０～７０％、２２～６５％、２４～６２％又は２４．９～６０．１％である。

【１１４３】

一実施形態では、医薬組成物は、１．０～５．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬ、１．２～３．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬ、又は１．７～２．３×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌのゲノム力価を含む。一実施形態では、医薬組成物は、５ＣＦＵ／ｍＬ未満、４ＣＦＵ／ｍＬ未満、３ＣＦＵ／ｍＬ未満、２ＣＦＵ／ｍＬ未満若しくは１ＣＦＵ／ｍＬ未満、又は任意の中間濃度の生物学的負荷を示す。複数の実施形態では、ＵＳＰ、例えば、ＵＳＰ＜８５＞（その全体が参照により組み込まれる）に従うエンドトキシンの量は、１．０ＥＵ／ｍＬ未満、０．８ＥＵ／ｍＬ未満、又は０．７５ＥＵ／ｍＬ未満である。複数の実施形態では、ＵＳＰ、例えば、ＵＳＰ＜７８５＞（その全体が参照により組み込まれる）に従う医薬組成物の浸透圧は、３５０～４５０ｍＯｓｍ／ｋｇ、３７０～４４０ｍＯｓｍ／ｋｇ又は３９０～４３０ｍＯｓｍ／ｋｇである。複数の実施形態では、医薬組成物は、容器当たり１２００個未満の２５μｍ超の粒子、容器当たり１０００個未満の２５μｍ超の粒子、容器当たり５００個未満の２５μｍ超の粒子、又は任意の中間値を含有する。複数の実施形態では、医薬組成物は、容器当たり１０，０００個未満の１０μｍ超の粒子、容器当たり８０００個未満の１０μｍ超の粒子又は容器当たり６００個未満の１０ｐｍ超の粒子を含有する。

【１１４４】
一実施形態では、医薬組成物は、０．５～５．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬ、１．０～４．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬ、１．５～３．０×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌ又は１．７～２．３×１０$^{13}$ｖｇ／ｍｌのゲノム力価を有する。一実施形態では、本明細書に記載の医薬組成物は、以下の１つ又は複数を含む：１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約０．０９ｎｇ未満のベンゾナーゼ、約３０ｐｇ／ｇ（ｐｐｍ）未満のセシウム、約２０～８０ｐｐｍのポロキサマー１８８、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約０．２２ｎｇ未満のＢＳＡ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約６．８×１０$^{5}$ｐｇ未満の残留ＤＮＡプラスミド、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約１．１×１０$^{5}$ｐｇ未満の残留ｈｃＤＮＡ、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約４ｎｇ未満のｒＨＣＰ、ｐＨ７．７～８．３、約３９０～４３０ｍＯｓｍ／ｋｇ、容器当たり約６００個未満の粒径＞２５μｍの粒子、容器当たり約６０００個未満の粒径＞１０μｍの粒子、約１．７×１０$^{13}$～２．３×１０$^{13}$ｖｇ／ｍＬのゲノム力価、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約３．９×１０$^{8}$～８．４×１０$^{10}$ＩＵの感染力価、１．０×１０$^{13}$ｖｇ当たり約１００～３００ｐｇの総タンパク質、約７．５×１０$^{13}$ｖｇ／ｋｇ用量のウイルスベクターを用いたＡ７ＳＭＡマウスで＞２４日の平均生存期間、インビトロ細胞アッセイに基づき約７０～１３０％の相対効力及び／又は約５％未満の空のカプシド。様々な実施形態では、本明細書に記載の医薬組成物は、本明細書で扱うウイルス粒子のいずれかを含み、参照基準の±２０％、±１５％、±１０％又は±５％の効力を保持する。一部の実施形態では、好適なインビトロ細胞アッセイ又はインビボ動物モデルを用いて、効力を測定する。

【１１４５】
ＡＡＶ粒子の別の調製、特性決定、及び投与方法は、国際公開第２０１９０９４２５３号パンフレット（その全体が、参照により本明細書に組み込まれる）に教示されている。

【１１４６】
本発明と一致して使用することができる別のｒＡＡＶ構築物として、表１を含め、以下：／／ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０３８／ｓ４１５７３－０１９－００１２－９で入手可能なＷａｎｇ　ｅｔ　ａｌ　２０１９（その全体が、参照により組み込まれる）に記載されているものが挙げられる。

【１１４７】
脂質ナノ粒子
本明細書で提供される方法及びシステムは、特定の実施形態では、脂質ナノ粒子（ＬＮＰ）を含む任意の好適な担体又は送達方法を含み得る。脂質ナノ粒子は、一部の実施形態において、１つ若しくは複数のイオン脂質、例えば、非カチオン脂質（例えば、中性若しくはアニオン、又は双性イオン脂質）；１つ若しくは複数の共役脂質（例えば、その全体が参照により本明細書に組み込まれる、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレットの表５に記載される、ＰＥＧ共役脂質又はポリマーと共役した脂質など）；１つ若しくは複数のステロール（例えば、コレステロール）；並びに任意選択で１つ若しくは複数のターゲティング分子（例えば、共役受容体、受容体リガンド、抗体）；又はこれらの組合せを含む。

【１１４８】
ナノ粒子形成（例えば、脂質ナノ粒子）に使用することができる脂質として、例えば、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表４に記載されるものが挙げられ、例えば、脂質含有ナノ粒子は、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレットの表４に示される脂質の１つ又は複数を含み得る。脂質ナノ粒子は、ポリマー、例えば、国際公開第２０１９２１７９４１号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表５に記載されるポリマーなどの別の要素を含み得る。

【１１４９】
一部の実施形態では、共役脂質は、存在する場合、ＰＥＧ－ジアシルグリセロール（ＤＡＧ）（例えば、１－（モノメトキシ－ポリエチレングリコール）－２，３－ジミリストイルグリセロール（ＰＥＧ－ＤＭＧ））、ＰＥＧ－ジアルキルオキシプロピル（ＤＡＡ）

、ＰＥＧ－リン脂質、ＰＥＧ－セラミド（Ｃｅｒ）、ペグ化ホスファチジルエタノールアミン（ＰＥＧ－ＰＥ）、ＰＥＧ－コハク酸ジアシルグリセロール（ＰＥＧＳ－ＤＡＧ）（例えば、４－０－（２’，３’－ジ（テトラデカノイルオキシ）プロピル－１－０－（ｗ－メトキシ（ポリエトキシ）エチル）ブタンジオエート（ＰＥＧ－Ｓ－ＤＭＧ））、ＰＥＧジアルコキシプロピルカルバム、Ｎ－（カルボニル－１－メトキシポリエチレングリコール２０００）－１，２－ジステアロイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミンナトリウム塩及び国際公開第２０１９０５１２８９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）並びにこれらの組合せの１つ又は複数を含む。

【１１５０】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子に組み込むことができるステロールは、コレステロール又はこれらのコレステロール誘導体、例えば、国際公開第２００９／１２７０６０号パンフレット又は米国特許出願公開第２０１０／０１３０５８８号明細書（参照により本明細書に組み込まれる）に記載のものなどを含む。別の例示的なステロールとして、フィトステロールが挙げられ、Ｅｙｇｅｒｉｓ　ｅｔ　ａｌ（２０２０），ｄｘ．ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０２１／ａｃｓ．ｎａｎｏｌｅｔｔ．０ｃ０１３８６（参照により本明細書に組み込まれる）に記載のものを含む。

【１１５１】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、イオン化性脂質、非カチオン脂質、粒子の凝集を阻害する共役脂質、及びステロールを含む。これらの成分の量は、独立して、且つ所望の特性を達成するように変動し得る。例えば、一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、総脂質の約２０ｍｏｌ％～約９０ｍｏｌ％の量のイオン化性脂質（他の実施形態では、それは、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の２０～７０％（ｍｏｌ）、３０～６０％（ｍｏｌ）若しくは４０～５０％（ｍｏｌ）；約５０ｍｏｌ％～約９０ｍｏｌ％であり得る）、総脂質の約５ｍｏｌ％～約３０ｍｏｌ％の量の非カチオン脂質、総脂質の約０．５ｍｏｌ％～約２０ｍｏｌ％の量の共役脂質、及び総脂質の約２０ｍｏｌ％～約５０ｍｏｌ％の量のステロールを含む。核酸（例えば、遺伝子組換えポリペプチド又は鋳型核酸をコードする）に対する総脂質の比は、要望に応じて変動し得る。例えば、核酸に対する総脂質（質量又は重量）は、約１０：１～約３０：１であり得る。

【１１５２】

一部の実施形態では、イオン化性脂質は、カチオン性脂質、イオン化性カチオン性脂質、例えば、ｐＨに応じて正に帯電した形態又は中性の形態で存在することができるカチオン性脂質、又は容易にプロトン化され得るアミン含有脂質であり得る。一部の実施形態では、カチオン性脂質は、例えば生理学的条件下で、正に荷電することができる脂質である。例示的なカチオン性脂質には、正電荷を保持する１つ又は複数のアミン基が含まれる。一部の実施形態では、脂質粒子は、中性脂質、イオン化性アミン含有脂質、生分解性アルキン脂質、ステロイド、多価不飽和脂質を含むリン脂質、構造脂質（例えば、ステロール）、ＰＥＧ、コレステロール及びポリマー共役脂質の１つ又は複数とともに、製剤中にカチオン性脂質を含む。一部の実施形態では、カチオン性脂質は、イオン化可能なカチオン性脂質であり得る。本明細書に開示される例示的なカチオン性脂質は、６．０を超える有効ｐＫａを有し得る。実施形態では、脂質ナノ粒子は、第１カチオン性脂質と異なる有効ｐＫａ（例えば、第１有効ｐＫａより大きい）を有する第２カチオン性脂質を含み得る。脂質ナノ粒子は、脂質ナノ粒子内に封入されているか、又はそれと会合している、４０～６０モルパーセントのカチオン性脂質、中性脂質、ステロイド、ポリマー共役脂質、及び治療剤、例えば、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）を含み得る。一部の実施形態では、核酸はカチオン性脂質と共製剤化される。核酸は、ＬＮＰ、例えば、カチオン性脂質を含むＬＮＰの表面に吸着され得る。一部の実施形態では、核酸は、ＬＮＰ、例えば、カチオン性脂質を含むＬＮＰに封入され得る。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、例えば、ターゲティング剤でコーティングされたターゲティング部分を含み得る。実施形態では、ＬＮＰ製剤は生分解性である。一部の実施形態では、本明細書に記載の１つ又は複数の脂質、例えば

、式（ｉ）、（ｉｉ）、（ｉｉ）、（ｖｉｉ）及び／又は（ｉｘ）を含む脂質ナノ粒子は、少なくとも１％、少なくとも５％、少なくとも１０％、少なくとも２０％、少なくとも３０％、少なくとも４０％、少なくとも５０％、少なくとも６０％、少なくとも７０％、少なくとも８０％、少なくとも９０％、少なくとも９２％、少なくとも９５％、少なくとも９７％、少なくとも９８％又は１００％のＲＮＡ分子、例えば、鋳型ＲＮＡ及び／又は遺伝子組換えポリペプチドをコードするｍＲＮＡを封入する。

【１１５３】

一部の実施形態では、脂質と核酸の比（質量／質量比；ｗ／ｗ比）は、約１：１～約２５：１、約１０：１～約１４：１、約３：１～約１５：１、約４：１～約１０：１、約５：１～約９：１、又は約６：１～約９：１の範囲であり得る。脂質及び核酸の量は、所望のＮ／Ｐ比、例えば、３、４、５、６、７、８、９、又は１０以上のＮ／Ｐ比を提供するように、調節することができる。一般に、脂質ナノ粒子製剤の総脂質含量は、約５ｍｇ／ｍｌ～約３０ｍｇ／ｍｌであり得る。

【１１５４】

脂質ナノ粒子製剤に使用することができる例示的なイオン化性脂質は、限定されないが、国際公開第２０１９０５１２８９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の表１に列挙されるものを含む。別の例示的な脂質として、限定されないが、以下の式の１つ若しくは複数が挙げられる：米国特許出願公開第２０１６／０３１１７５９号明細書のＸ；米国特許出願公開第２０１５０３７６１１５号又は米国特許第２０１６／０３７６２２４号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１６０１５１２８４号明細書のＩ、ＩＩ又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１７０２１０９６７号明細書のＩ、ＩＡ、ＩＩ、又はＩＩＡ；米国特許出願公開第２０１５０１４００７０号明細書のＩ－ｃ；米国特許出願公開第２０１３／０１７８５４１号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／０３０３５８７号又は米国特許第２０１３／０１２３３３８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１５／０１４１６７８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１５／０２３９９２６号明細書のＩＩ、ＩＩＩ、ＩＶ、又はＶ；米国特許出願公開第２０１７／０１１９９０４号明細書のＩ；国際公開第２０１７／１１７５２８号パンフレットのＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１２／０１４９８９４号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１５／００５７３７３号明細書のＡ；国際公開第２０１３／１１６１２６号パンフレットのＡ；米国特許出願公開第２０１３／００９０３７２号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／０２７４５２３号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／０２７４５０４号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１３／００５３５７２号明細書のＡ；国際公開第２０１３／０１６０５８号パンフレットのＡ；国際公開第２０１２／１６２２１０号パンフレットのＡ；米国特許出願公開第２００８／０４２９７３号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１２／０１２８７６７０号明細書のＩ、ＩＩ、ＩＩＩ又はＩＶ；米国特許出願公開第２０１４／０２００２５７号明細書のＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１５／０２０３４４６号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１５／０００５３６３号明細書のＩ又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１４／０３０８３０４号明細書のＩ、ＩＡ、ＩＢ、ＩＣ、ＩＤ、ＩＩ、ＩＩＡ、ＩＩＢ、ＩＩＣ、ＩＩＤ、又はＩＩＩ－ＸＸＩＶ；米国特許出願公開第２０１３／０３３８２１０号明細書の；国際公開第２００９／１３２１３１号パンフレットのＩ、ＩＩ、ＩＩＩ、又はＩＶ；米国特許出願公開第２０１２／０１０１１４７８号明細書のＡ；米国特許出願公開第２０１２／００２７７９６号明細書のＩ又はＸＸＸＶ；米国特許出願公開第２０１２／００５８１４４号明細書のＸＩＶ又はＸＶＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０３２３２６９号明細書の；米国特許出願公開第２０１１／０１１７１２５号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１１／０２５６１７５号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１２／０２０２８７１号明細書のＩ、ＩＩ、ＩＩＩ、ＩＶ、Ｖ、ＶＩ、ＶＩＩ、ＶＩＩＩ、ＩＸ、Ｘ、ＸＩ、ＸＩＩ；米国特許出願公開第２０１１／００７６３３５号明細書のＩ、ＩＩ、ＩＩＩ、ＩＶ、Ｖ、ＶＩ、ＶＩＩ、ＶＩＩＩ、Ｘ、ＸＩＩ、ＸＩＩＩ、ＸＩＶ、ＸＶ、又はＸＶＩ；米国特許出願公開第２００６／００８３７８号明細書のＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１

３／０１２３３３８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１５／００６４２４２号明細書のＩ又はＸ－Ａ－Ｙ－Ｚ；米国特許出願公開第２０１３／００２２６４９号明細書のＸＶＩ、ＸＶＩＩ、又はＸＶＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１１６３０７号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１１６３０７号明細書のＩ、ＩＩ、又はＩＩＩ；米国特許出願公開第２０１０／００６２９６７号明細書のＩ又はＩＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１８９３５１号明細書のＩ～Ｘ；米国特許出願公開第２０１４／００３９０３２号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書のＶ；米国特許出願公開第２０１６／０３１７４５８号明細書のＩ；米国特許出願公開第２０１３／０１９５９２０号明細書のＩ；米国特許第１０，２２１，１２７号明細書の５、６、又は１０；国際公開第２０１８／０８１４８０号パンフレットのＩＩＩ－３；国際公開第２０２０／０８１９３８号パンフレットのＩ－５又はＩ－８；米国特許第９，８６７，８８８号明細書の１８又は２５；米国特許出願公開第２０１９／０１３６２３１号明細書のＡ；国際公開第２０２０／２１９８７６号パンフレットのＩＩ；米国特許出願公開第２０１２／００２７８０３号明細書の１；米国特許出願公開第２０１９／０２４０３４９号明細書のＯＦ－０２；米国特許第１０，０８６，０１３号明細書の２３；Ｍｉａｏ　ｅｔ　ａｌ（２０２０）のｃＫＫ－Ｅ１２／Ａ６；国際公開第２０１０／０５３５７２号パンフレットのＣ１２－２００；Ｄａｈｌｍａｎ　ｅｔ　ａｌ（２０１７）の７Ｃ１；Ｗｈｉｔｅｈｅａｄ　ｅｔ　ａｌの３０４－Ｏ１３又は５０３－Ｏ１３；米国特許第９，７０８，６２８号明細書のＴＳ－Ｐ４Ｃ２；国際公開第２０２０／１０６９４６号パンフレットのＩ；国際公開第２０２０／１０６９４６号パンフレットのＩ。

【１１５５】

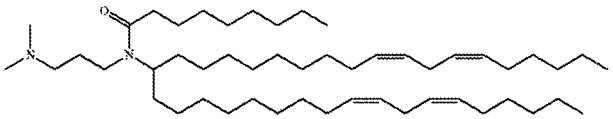
一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例９に記載されているように、ＭＣ３（６Ｚ，９Ｚ，２８Ｚ，３　ｌＺ）－ヘプタトリアコンター６，９，２８，３，ｌ－テトラエン－ｌ９－イル－４－（ジメチルペンチルアミノ）ブタノエート（ＤＬｉｎ－ＭＣ３－ＤＭＡ又はＭＣ３）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１０に記載されているように、脂質ＡＴＸ－００２である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１１に記載されているように、（ｌ３Ｚ，ｌ６Ｚ）－Ａ，Ａ－ジメチル－３－ノニルドコサ－ｌ３、ｌ６－ジエン－１－アミン（化合物３２）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１２に記載されているように、化合物６又は化合物２２である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、米国特許第９，８６７，８８８号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１に記載されている、ヘプタデカン－９－イル８－（（２－ヒドロキシエチル）（６－オキソ－６－（ウンデシルオキシ）ヘキシル）アミノ）オクタノエート（ＳＭ－１０２）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１５／０９５３４０号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１３で合成された、９Ｚ，１２Ｚ）－３－（（４，４－ビス（オクチルオキシ）ブタノイル）オキシ）－２－（（（（３－（ジエチルアミノ）プロポキシ）カルボニル）オキシ）メチル）プロピルオクタデカ－９，１２－ジエノエート（ＬＰ０１）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、ジ（（Ｚ）－ノン－２－エン－１－イル）９－（（４－ジメチルアミノ）ブタノイル）オキシ）ヘプタデカンジオエート（Ｌ３１９）であり、例えば、米国特許出願公開第２０１２／００２７８０３号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例７、８、又は９で合成される。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、例えば、国際公開第２０１０／０５３５７２号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の実施例１４及び１６で合成された、１，１’－（（２－（４－（２－（（２－（ビス（２－ヒドロキシドデシル）アミノ）エチル）（２－ヒドロキシドデシル）アミノ）エチル）ピペラジン－１

－イル）エチル）アザンジイル）ビス（ドデカン－２－オール）（Ｃ１２－２００）である。一部の実施形態では、イオン化性脂質は、イミダゾールコレステロールエステル（ＩＣＥ）脂質（３Ｓ，１０Ｒ，１３Ｒ，１７Ｒ）－１０，１３－ジメチル－１７－（（Ｒ）－６－メチルヘプタン－２－イル）－２，３，４，７，８，９，１０，１１，１２，１３，１４，１５，１６，１７－テトラデカヒドロ－１Ｈ－シクロペンタ［ａ］フェナントレン－３－イル３－（１Ｈ－イミダゾール－４－イル）プロパノエート、例えば、国際公開第２０２０／１０６９４６号パンフレット（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の構造（Ｉ）である。

【１１５６】

本明細書に記載の組成物、例えば、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）、の送達のための脂質ナノ粒子を形成するために（例えば、他の脂質成分と組み合わせて）使用され得る脂質化合物のいくつかの非限定的な例は、

【化１２】



(i)

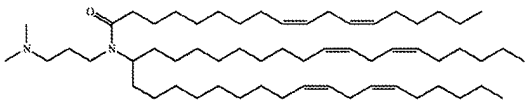
を含む。

【１１５７】

一部の実施形態では、式（ｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１５８】

【化１３】

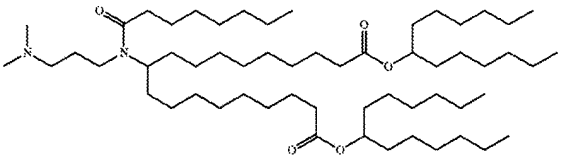


(ii)

一部の実施形態では、式（ｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１５９】

【化１４】

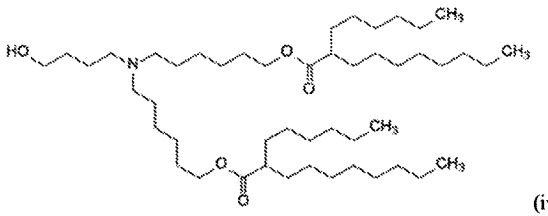


(iii)

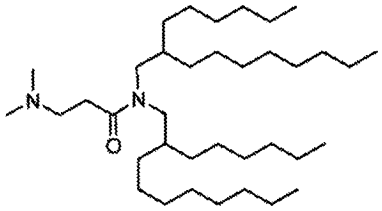
一部の実施形態では、式（ｉｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６０】

【化１５】



(iv)

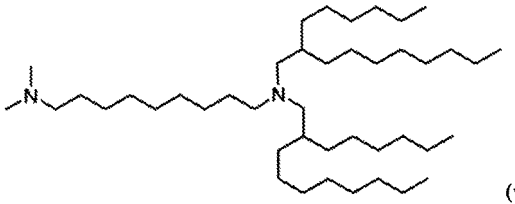


(v)

一部の実施形態では、式（ｖ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６１】

【化１６】

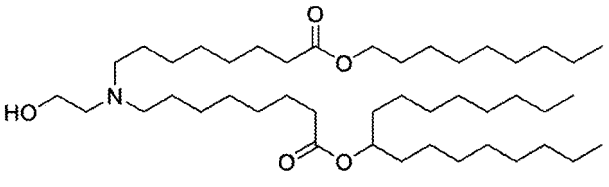


(vi)

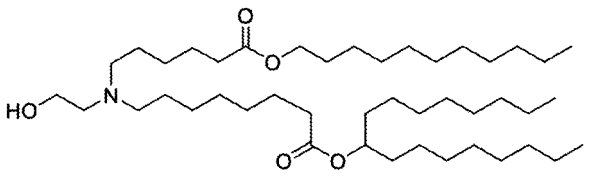
一部の実施形態では、式（ｖｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６２】

【化１７】



(vii)

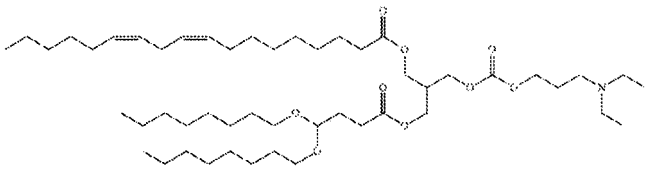


(viii)

一部の実施形態では、式（ｖｉｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６３】

【化１８】

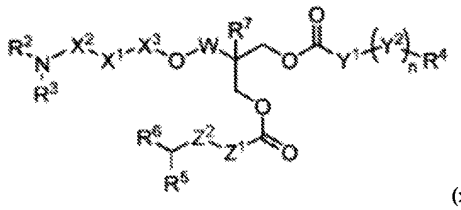


(ix)

一部の実施形態では、式（ｉｘ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６４】

【化１９】

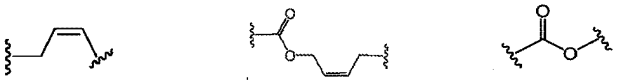


(x)

式中、

$X^1$はＯ、$NR^1$、又は直接結合であり、$X^2$はＣ２～５アルキレンであり、$X^3$はＣ（＝０）又は直接結合であり、$R^1$はＨ又はＭｅであり、$R^3$はＣｉ～３アルキルであり、$R^2$はＣｉ～３アルキルであるか、又は$R^2$はそれが結合している窒素原子及び$X^2$の１～３個の炭素原子と一緒になって、４、５、又は６員環を形成するか、又は$X^1$は$NR^1$、$R^1$及び$R^2$であり、それらが結合している窒素原子と一緒になって、５又は６員環を形成するか、又は$R^2$は$R^3$及びそれらが結合している窒素原子と一緒になって、５、６、又は７員環を形成し、$Y^1$はＣ２～１２アルキレンであり、$Y^2$は

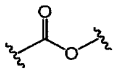
【化２０】



（いずれかの配向）、（いずれかの配向）、（いずれかの配向）

から選択され、ｎは０～３であり、$R^4$はＣｉ～１５アルキルであり、$Z^1$はＣｉ～６アルキレン又は直接結合であり、$Z^2$は

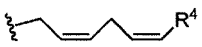
【化２１】



又は非存在であり、ただし、$Z^1$が直接結合である場合、$Z^2$は非存在であり；

$R^5$はＣ５～９アルキル又はＣ６～１０アルコキシであり、$R^6$はＣ５～９アルキル又はＣ６～１０アルコキシであり、Ｗはメチレン又は直接結合であり、$R^7$はＨ若しくはＭｅ、又はその塩であり、ただし、$R^3$及び$R^2$がＣ２アルキルである場合、$X^1$はＯであり、$X^2$は直鎖Ｃ３アルキレンであり、$X^3$はＣ（＝０）であり、$Y^1$は直鎖Ｃｅアルキレンであり、$(Y^2)_n-R^4$は

【化２２】



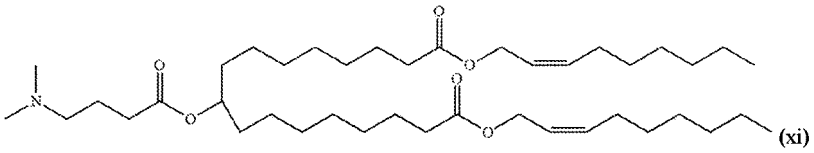
であり、$R^4$は直鎖Ｃ５アルキルであり、$Z^1$はＣ２アルキレンであり、$Z^2$は非存在であり、Ｗはメチレンであり、$R^7$はＨであり、$R^5$及び$R^6$はＣｘアルコキシでない。

【１１６５】

一部の実施形態では、式（ｘｉｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６６】

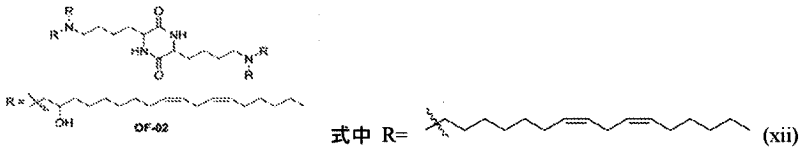
【化２３】

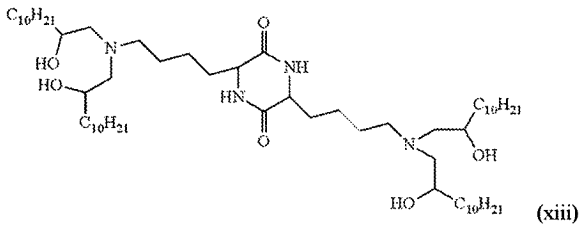


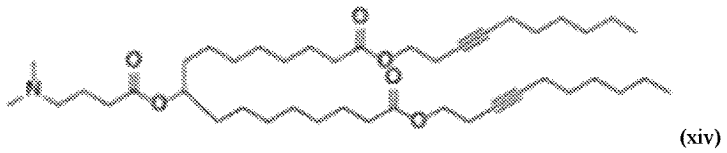

一部の実施形態では、式（ｘｉ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６７】

【化２４】



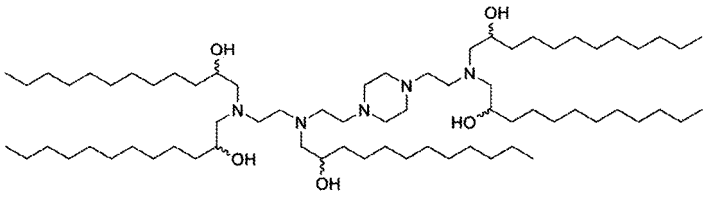




一部の実施形態では、ＬＮＰは、式（ｘｉｉｉ）の化合物及び式（ｘｉｖ）の化合物を含む。

【１１６８】

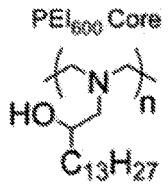
【化２５】




一部の実施形態では、式（ｘｖ）を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肝臓及び／又は肝細胞に送達する。

【１１６９】

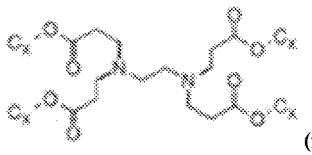
【化２６】



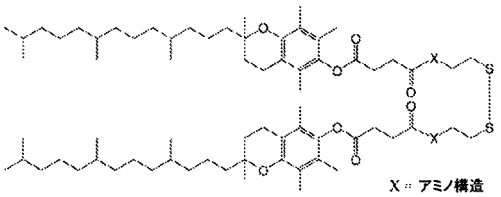

(xvi)

一部の実施形態では、式（ｘｖｉ）の製剤を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肺内皮細胞に送達する。

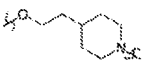
【化２７】



(xvii)

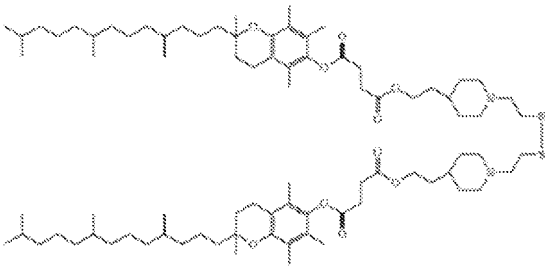



式中 X=

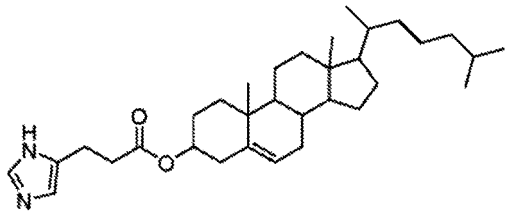


(xviii)

(a)



(xviii)(b)

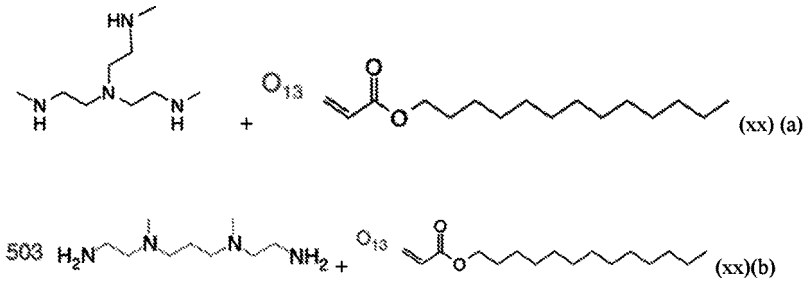


(xix)

【１１７０】

一部の実施形態では、本明細書に記載の組成物、例えば、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）、の送達のための脂質ナノ粒子を形成するために使用される脂質化合物は、以下の反応の１つによって作製される：

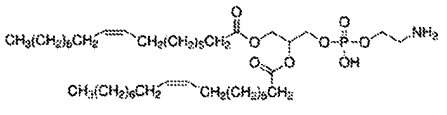
【化２８】




【１１７１】

例示的な非カチオン脂質として、限定されないが、以下のものが挙げられる：ジステアロイル－ｓｎ－グリセロ－ホスホエタノールアミン、ジステアロイルホスファチジルコリン（ＤＳＰＣ）、ジオレオイルホスファチジルコリン（ＤＯＰＣ）、ジパルミトイルホスファチジルコリン（ＤＰＰＣ）、ジオレオイルホスファチジルグリセロール（ＤＯＰＧ）、ジパルミトイルホスファチジルグリセロール（ＤＰＰＧ）、ジオレオイル－ホスファチジルエタノールアミン（ＤＯＰＥ）、１，２－ジオレオイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミン（ＤＯＰＥ）、パルミトイルオレオイルホスファチジルコリン（ＰＯＰＣ）、パルミトイルオレオイルホスファチジルエタノールアミン（ＰＯＰＥ）、４－（Ｎ－マレイミドメチル）－シクロヘキサン－１－カルボン酸ジオレオイル－ホスホエタノールアミン（ＤＯＰＥ－ｍａｌ）、ジパルミトイルホスファチジルエタノールアミン（ＤＰＰＥ）、ジパルミリストイルホスファチジルエタノールアミン（ＤＭＰＥ）、ジステアロイル－ホスファチジル－エタノールアミン（ＤＳＰＥ）、モノメチル－ホスファチジルエタノールアミン（例えば、１６－Ｏ－モノメチルＰＥ）、ジメチル－ホスファチジルエタノールアミン（例えば、１６－Ｏ－ジメチルＰＥ）、１８－１－トランスＰＥ、１－ステアロイル－２－オレオイル－１－ホスファチジルエタノールアミン（ＳＯＰＥ）、水素添加ダイズホスファチジルコリン（ＨＳＰＣ）、卵ホスファチジルコリン（ＥＰＣ）、ジオレオイルホスファチジルセリン（ＤＯＰＳ）、スフィンゴミエリン（ＳＭ）、ジミリストイルホスファチジルコリン（ＤＭＰＣ）、ジミリストイルホスファチジルグリセロール（ＤＭＰＧ）、ジステアロイルホスファチジルグリセロール（ＤＳＰＧ）、ジエルコイルホスファチジルコリン（ＤＥＰＣ）、パルミトイルオレオイルホスファチジルグリセロール（ＰＯＰＧ）、ジエライドイル－ホスファチジルエタノールアミン（ＤＥＰＥ）、レシチン、ホスファチジルエタノールアミン、リソレシチン、リソホスファチジルエタノールアミン、ホスファチジルセリン、ホスファチジルイノシトール、スフィンゴミエリン、卵スフィンゴミエリン（ＥＳＭ）、セファリン、カルジオリピン、ホスファチジン酸、セレブロシド、リン酸ジセチル、リソホスファチジルコリン、ジリノレオイルホスファチジルコリン、又はそれらの混合物。更に、他のジアセチルホスファチジルコリン及びジアセチルホスファチジルエタノールアミンリン脂質も使用できることが理解される。これらの脂質中のアシル基は、好ましくは、Ｃ１０～２４炭素鎖を有する脂肪酸由来のアシル基、例えば、ラウロイル、ミリストイル、パルミトイル、ステアロイル、又はオレオイルである。特定の実施形態における別の例示的な脂質として、限定しないが、Ｋｉｍ　ｅｔ　ａｌ．（２０２０）ｄｘ．ｄｏｉ．ｏｒｇ／１０．１０２１／ａｃｓ．ｎａｎｏｌｅｔｔ．０ｃ０１３８６（参照により本明細書に組み込まれる）に記載されるものが挙げられる。こうした脂質には、一部の実施形態では、ｍＲＮＡを用いた肝トランスフェクションを改善することが判明している植物脂質（例えば、ＤＧＴＳ）が含まれる。一部の実施形態では、非カチオン性脂質は、以下の構造を有し得る。

【化２９】



(xxi)

【１１７２】

脂質ナノ粒子での使用に適した非カチオン脂質の他の例として、限定しないが、無リン脂質、例えば、ステアリルアミン、ドデエイルアミン、ヘキサアデシルアミン、パルミチン酸アセチル、リシノール酸グリセロール、ステアリン酸ヘキサデシル、ミリスチン酸イソプロピル、両性アクリルポリマー、ラウリル硫酸トリエタノールアミン、アルキル－アリール硫酸塩ポリエトキシル化脂肪酸アミド、ジオクタデシルジメチルアンモニウム臭化物、セラミド、スフィンゴミエリンなどが挙げられる。他の非カチオン脂質は、国際公開第２０１７／０９９８２３号パンフレット又は米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書に記載されており、それらの内容は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１１７３】

一部の実施形態では、非カチオン脂質は、米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書（その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の式Ｉ、ＩＩ若しくはＩＶのオレイン酸又は化合物である。非カチオン脂質は、例えば、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０～３０％（ｍｏｌ）を占め得る。一部の実施形態では、非カチオン脂質含有率は、例えば、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の５～２０％（ｍｏｌ）又は１０～１５％（ｍｏｌ）である。複数の実施形態では、イオン化性脂質と中性脂質のモル比は、約２：１～約８：１（例えば、約２：１、３：１、４：１、５：１、６：１、７：１、又は８：１）の範囲である。

【１１７４】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、リン脂質を一切含まない。

【１１７５】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、膜完全性を賦与するために、ステロールなどの成分を更に含み得る。脂質ナノ粒子に使用することができるステロールの一例は、コレステロール及びその誘導体である。コレステロール誘導体の非限定的な例として、５ａ－コレスタノール、５３－コプロスタノール、コレステリル－（２－ヒドロキシ）－エチルエーテル、コレステリル－（４’－ヒドロキシ）－ブチルエーテル、及び６－ケトコレスタノールなどの極性類似体；５ａ－コレスタン、コレステノン、５ａ－コレスタノン、５ｐ－コレスタノン、及びデカン酸コレステリルなどの非極性類似体；並びにそれらの混合物が挙げられる。一部の実施形態では、コレステロール誘導体は、極性類似体、例えば、コレステリル－（４’－ヒドロキシ）－ブチルエステルである。例示的なコレステロール誘導体は、国際公開第２００９／１２７０６０号パンフレット及び米国特許出願公開第２０１０／０１３０５８８号明細書（これらの各々は、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）に記載されている。

【１１７６】

一部の実施形態では、膜完全性を賦与する成分、例えば、ステロールなどは、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０～５０％（ｍｏｌ）（例えば、０～１０％、１０～２０％、２０～３０％、３０～４０％、又は４０～５０％）を含む。一部の実施形態では、こうした成分は、脂質ナノ粒子の総脂質の２０～５０％（ｍｏｌ）、３０～４０％（ｍｏｌ）である。

【１１７７】

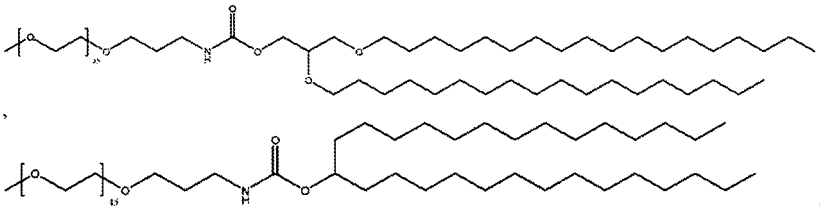
一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、ポリエチレングリコール（ＰＥＧ）又は共役脂質分子を含み得る。一般に、これらは、脂質ナノ粒子の凝集を阻害し、且つ／又は立体安定化をもたらす。例示的な共役脂質として、限定されないが、ＰＥＧ－脂質コンジュゲート、ポリオキサゾリン（ＰＯＺ）－脂質コンジュゲート、ポリアミド－脂質コンジュゲー

ト（例えば、ＡＴＴＡ－脂質コンジュゲート）、カチオンポリマー脂質（ＣＰＬ）コンジュゲート、及びそれらの混合物が挙げられる。一部の実施形態では、共役脂質分子は、ＰＥＧ－脂質コンジュゲート、例えば、（メトキシポリエチレングリコール）共役脂質である。

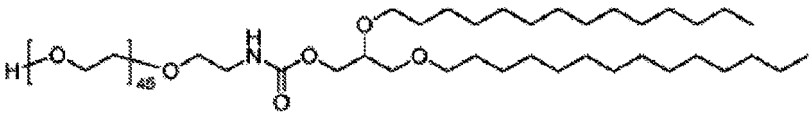
【１１７８】

例示的なＰＥＧ－脂質コンジュゲートとして、限定されないが、ＰＥＧ－ジアシルグリセロール（ＤＡＧ）（例えば、１－（モノメトキシ－ポリエチレングリコール）－２，３－ジミリストイルグリセロール（ＰＥＧ－ＤＭＧ））、ＰＥＧ－ジアルキルオキシプロピル（ＤＡＡ）、ＰＥＧ－リン脂質、ＰＥＧ－セラミド（Ｃｅｒ）、ペグ化ホスファチジルエタノールアミン（ＰＥＧ－ＰＥ）、１，２－ジミリストイル－ｓｎ－グリセロ、メトキシポリエチレングリコール（ＤＭＧ－ＰＥＧ－２Ｋ）、ＰＥＧコハク酸ジアシルグリセロール（ＰＥＧＳ－ＤＡＧ）（例えば、４－０－（２’，３’－ジ（テトラデカノイルオキシ）プロピル－１－０－（ｗ－メトキシ（ポリエトキシ）エチル）ブタンジオエート（ＰＥＧ－Ｓ－ＤＭＧ））、ＰＥＧジアルコキシプロピルカルバム、Ｎ－（カルボニル－１－メトキシポリエチレングリコール２０００）－１，２－ジステアロイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミンナトリウム塩又はそれらの混合物が挙げられる。別の例示的なＰＥＧ－脂質コンジュゲートは、例えば、米国特許第５，８８５，６ｌ３号明細書、米国特許第６，２８７，５９ｌ号明細書、米国特許出願公開第２００３／００７７８２９号明細書、米国特許出願公開第２００３／００７７８２９号明細書、米国特許出願公開第２００５／０１７５６８２号明細書、米国特許出願公開第２００８／００２００５８号明細書、米国特許出願公開第２０１１／０１１７１２５号明細書、米国特許出願公開第２０１０／０１３０５８８号明細書、米国特許出願公開第２０１６／０３７６２２４号明細書、米国特許出願公開第２０１７／０１１９９０４号明細書、及び米国特許出願公開第／０９９８２３号明細書に記載されており、これらは全て、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、米国特許出願公開第２０１８／００２８６６４号明細書（その内容は、全体が参照により本明細書に組み込まれる）の式ＩＩＩ、ＩＩＩ－ａ－Ｉ、ＩＩＩ－ａ－２、ＩＩＩ－ｂ－１、ＩＩＩ－ｂ－２の化合物である。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、米国特許出願公開第２０１５０３７６１１５号明細書又は米国特許出願公開第２０１６／０３７６２２４号明細書（いずれの内容も、その全体が参照により本明細書に組み込まれる）の式ＩＩのものである。一部の実施形態では、ＰＥＧ－ＤＡＡコンジュゲートは、例えば、ＰＥＧ－ジラウロイルオキシプロピル、ＰＥＧ－ジミリスチルオキシプロピル、ＰＥＧ－ジパルミチルオキシプロピル、又はＰＥＧ－ジステアリルオキシプロピルであり得る。ＰＥＧ－脂質は、以下：ＰＥＧ－ＤＭＧ、ＰＥＧ－ジラウリルグリセロール、ＰＥＧ－ジパルミトイルグリセロール、ＰＥＧ－ジステリルグリセロール、ＰＥＧ－ジラウリルグリカミド、ＰＥＧ－ジミリスチルグリカミド、ＰＥＧ－ジパルミトイルグリカミド、ＰＥＧ－ジステリルグリカミド、ＰＥＧ－コレステロール（ｌ－［８’－（コレスト－５－エン－３［β］－オキシ）カルボキサミド－３’，６’－ジオキサオクタニル］カルバモイル－［ω］－メチル－ポリ（エチレングリコール）、ＰＥＧ－ＤＭＢ（３，４－ジテトラデコキシルベンジル－［ω］－メチル－ポリ（エチレングリコール）エーテル）、及び１，２－ジミリストイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミン－Ｎ－［メトキシ（ポリエチレングリコール）－２０００］の１つ若しくは複数であり得る。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、ＰＥＧ－ＤＭＧ、１，２－ジミリストイル－ｓｎ－グリセロ－３－ホスホエタノールアミン－Ｎ－［メトキシ（ポリエチレングリコール）－２０００］を含む。一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質は、以下：

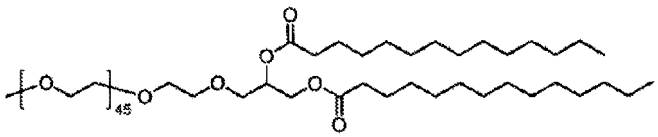
【化３０】



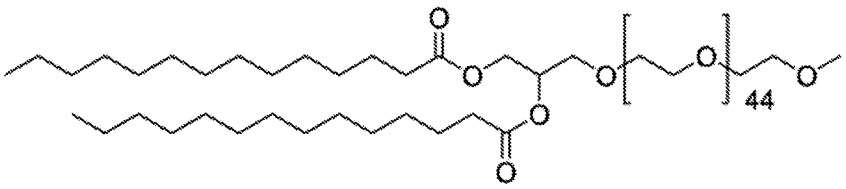
(xxii),



(xxiii),



(xxiv), 及び



(xxv)

から選択される構造を含む。

【１１７９】

一部の実施形態では、ＰＥＧ－脂質の代わりに、ＰＥＧ以外の分子と共役した脂質を使用することもできる。例えば、ＰＥＧ－脂質の代わりに、ポリオキサゾリン（ＰＯＺ）－脂質コンジュゲート、ポリアミド－脂質コンジュゲート（例えば、ＡＴＴＡ－脂質コンジュゲート）、及びカチオンポリマー脂質（ＧＰＬ）コンジュゲートを使用することができる。

【１１８０】

例示的な共役脂質、すなわちＰＥＧ－脂質、（ＰＯＺ）－脂質コンジュゲート、ＡＴＴＡ－脂質コンジュゲート、及びカチオンポリマー脂質は、国際公開第２０１９０５１２８９Ａ９号パンフレットの表２及び国際公開第２０２０１０６９４６Ａ１号パンフレットに列挙されるＰＣＴ及びＬＩＳ特許出願に記載されており、これらの内容は全て、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１１８１】

一部の実施形態では、ＬＮＰは、式（ｘｉｘ）の化合物、式（ｘｘｉ）の化合物及び式（ｘｘｖ）の化合物を含む。一部の実施形態では、式（ｘｉｘ）、式（ｘｘｉ）及び式（ｘｘｖ）の製剤を含むＬＮＰを使用して、本明細書に記載の遺伝子組換え組成物を肺又は肺細胞に送達する。

【１１８２】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子は、式（ｉ）、式（ｉｉ）、式（ｉｉｉ）、式（ｖｉｉ）、及び式（ｉｘ）から選択される１つ又は複数のカチオン性脂質を含み得る。一部の実施形態では、ＬＮＰは、１つ又は複数の中性脂質、例えばＤＳＰＣ、ＤＰＰＣ、ＤＭＰＣ、ＤＯＰＣ、ＰＯＰＣ、ＤＯＰＥ、ＳＭ、ステロイド、例えばコレステロール及び／又は１つ又は複数のポリマーと共役した脂質、例えばＰＥＧ化脂質、例えばＰＥＧ－ＤＡＧ、ＰＥＧ－ＰＥ、ＰＥＧ－Ｓ－ＤＡＧ、ＰＥＧ－ｃｅｒ又はＰＥＧジアルコキシプロピ

ルカルバメートを更に含む。

【１１８３】

一部の実施形態では、ＰＥＧ又は共役脂質は、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０～２０％（ｍｏｌ）を占め得る。一部の実施形態では、ＰＥＧ又は共役脂質の含有率は、脂質ナノ粒子中に存在する総脂質の０．５～１０％又は２～５％（ｍｏｌ）である。イオン化性脂質、非カチオン脂質、ステロール、及びＰＥＧ／共役脂質のモル比は、必要に応じて変動し得る。例えば、脂質粒子は、組成物のモル又は総重量当たり３０～７０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり０～６０％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり０～３０％の非カチオン脂質と、組成物のモル又は総重量当たり１～１０％の共役脂質とを含み得る。好ましくは、組成物は、組成物のモル又は総重量当たり３０～４０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり４０～５０％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり１０～２０％の非カチオン脂質とを含む。一部の実施形態では、組成物は、組成物のモル又は総重量当たり５０～７５％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり２０～４０％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり５～１０％の非カチオン脂質と、組成物のモル又は総重量当たり１～１０％の共役脂質である。組成物は、組成物のモル又は総重量当たり６０～７０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり２５～３５％のコレステロールと、組成物のモル又は総重量当たり５～１０％の非カチオン脂質とを含み得る。組成物はまた、組成物のモル又は総重量当たり最大９０％のイオン化性脂質と、組成物のモル又は総重量当たり２～１５％の非カチオン脂質とを含み得る。製剤は、例えば、組成物のモル若しくは総重量当たり８～３０％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり５～３０％の非カチオン脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり０～２０％のコレステロールと；組成物のモル若しくは総重量当たり４～２５％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり４～２５％の非カチオン脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり２～２５％のコレステロールと、組成物のモル若しくは総重量当たり１０～３５％の共役脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり５％のコレステロール；又は組成物のモル若しくは総重量当たり２～３０％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり２～３０％の非カチオン脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり１～１５％のコレステロールと、組成物のモル若しくは総重量当たり２～３５％の共役脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり１～２０％のコレステロール；或いはまた組成物のモル若しくは総重量当たり最大９０％のイオン化性脂質と、組成物のモル若しくは総重量当たり２～１０％の非カチオン脂質と、又は組成物のモル若しくは総重量当たり１００％のカチオン脂質でもあり得る。一部の実施形態では、脂質粒子製剤は、５０：１０：３８．５：１．５のモル比で、イオン化性脂質、リン脂質、コレステロール及びＰＥＧ化脂質を含む。一部の他の実施形態では、脂質粒子製剤は、６０：３８．５：１．５のモル比で、イオン化性脂質、コレステロール及びＰＥＧ化脂質を含む。

【１１８４】

一部の実施形態では、脂質粒子は、イオン化性脂質、非カチオン脂質（例えば、リン脂質）、ステロール（例えば、コレステロール）及びＰＥＧ化脂質を含み、ここで、脂質のモル比は、イオン化性脂質の場合、２０～７０モル％の範囲で、目標は４０～６０であり、非カチオン脂質のモルパーセントは、０～３０の範囲で、目標は０～１５、ステロールのモルパーセントは、２０～７０の範囲で、目標は３０～５０、ＰＥＧ化脂質のモルパーセントは、１～６の範囲で、目標は２～５である。

【１１８５】

一部の実施形態では、脂質粒子は、５０：１０：３８．５：１．５のモル比で、イオン化性脂質／非カチオン脂質／ステロール／共役脂質を含む。

【１１８６】

一態様では、本開示は、リン脂質、レシチン、ホスファチジルコリン及びホスファチジルエタノールアミンを含む脂質ナノ粒子製剤を提供する。

【１１８７】

一部の実施形態では、１つ又は複数の別の化合物を含有させることができる。そうした化合物は個別に投与することもできるし、又は追加的化合物を本発明の脂質ナノ粒子に含有させることもできる。言い換えれば、脂質ナノ粒子は、核酸又は最初の核酸と異なる少なくとも１つの第２の核酸に加えて、他の化合物を含有することができる。限定はしないが、他の追加的化合物は、以下：小若しくは大有機又は無機分子、単糖、二糖、三糖、オリゴ糖、多糖、ペプチド、タンパク質、ペプチド類似体及びその誘導体、ペプチド模倣物、核酸、核酸類似体及びその誘導体、生体材料から調製された抽出物、又はそれらの任意の組合せから選択することができる。

【１１８８】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子（又は脂質ナノ粒子を含む製剤）は、反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を欠いているか、又は予め選択されたレベル未満の反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を含む。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、脂質試薬を使用して脂質ナノ粒子製剤を作製し、脂質試薬は、混入反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を含み得る。脂質試薬は、予め選択されたレベル未満の反応性不純物（例えば、アルデヒド又はケトン）を有することに基づいて、製造のために選択され得る。特定の理論に束縛されることを意図しないが、一部の実施形態では、アルデヒドは、ＲＮＡの修飾及び損傷、例えば、塩基間の架橋及び／又は脂質のＲＮＡへの共有結合（例えば、脂質－ＲＮＡ付加物の形成）を引き起こし得る。これは、いくつかの事例では、逆転写酵素反応の失敗及び／又は不適切な塩基の組込み（例えば、損傷部位で）、例えば、新しく合成された標的ＤＮＡの変異につながる可能性がある。

【１１８９】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量を含む脂質試薬を使用して産生される。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む脂質試薬を使用して産生される。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、（ｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量；及び（ｉｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む、脂質試薬を使用して産生される。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、複数の脂質試薬を使用して産生され、複数の脂質試薬は各々独立して、この段落に記載された１つ又は複数の基準を満たす。一部の実施形態では、複数の各脂質試薬は、同じ基準、例えば、本段落の基準を満たす。

【１１９０】

一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量を含む。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。一部の実施形態では、脂質ナノ粒子製剤は、（ｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量；及び（ｉｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。

【１１９１】

一部の実施形態では、本明細書に記載の脂質ナノ粒子又はその製剤に使用される脂質試薬の１つ以上、又は任意選択で全ては、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量を含む。一部の実施形態では、本明細書に記載の脂質ナノ粒子又はその製剤に使用される脂質試薬の１つ以上、又は任意選択で全ては、５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。一部の実施形態では、本明細書に記載の脂質ナノ粒子又はその製剤に使用される脂質試薬の１つ以上、又は任意選択で全ては、（ｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の総反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量；及び（ｉｉ）５％、４％、３％、２％、１％、０．９％、０．８％、０．７％、０．６％、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％、又は０．１％未満の任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種を含む。

【１１９２】

一部の実施形態では、総アルデヒド含有量及び／又は任意の単一反応性不純物（例えば、アルデヒド）種の量は、例えばタンデム質量分析（ＭＳ／ＭＳ）と組み合わせた、液体クロマトグラフィー（ＬＣ）により、例えばＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書の実施例４０に記載の方法に従って決定される。一部の実施形態では、反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量及び／又は反応性不純物（例えば、アルデヒド）種の量は、例えば脂質試薬中の、反応性不純物（例えば、アルデヒド）の存在に関連した、核酸分子（例えば、ＲＮＡ分子、例えば、本明細書に記載されるもの）の１つ又は複数の化学修飾を検出することによって決定される。一部の実施形態では、反応性不純物（例えば、アルデヒド）含有量及び／又は反応性不純物（例えば、アルデヒド）種の量は、例えば、ＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書の実施例４１に記載される方法に従い、例えば脂質試薬中の反応性不純物（例えば、アルデヒド）の存在に関連した、ヌクレオチド又はヌクレオシド（例えば、リボヌクレオチド又はリボヌクレオシド、例えば鋳型核酸に含まれるか、又は鋳型核酸から単離されたもの、例えば本明細書に記載されるもの）の１つ又は複数の化学修飾を検出することによって決定される。複数の実施形態では、核酸分子、ヌクレオチド、又はヌクレオシドの化学修飾は、例えば、ＰＣＴ／ＵＳ２１／２０９４８号明細書の実施例４１に記載される方法に従って、例えば、ＬＣ－ＭＳ／ＭＳ分析を用いて、１つ又は複数の修飾ヌクレオチド又はヌクレオシドの存在を決定することによって検出される。

【１１９３】

一部の実施形態では、本明細書に記載の核酸（例えば、ＲＮＡ）（例えば、鋳型核酸又は遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸）は、アルデヒド修飾を含まないか、又は予め選択された量未満のアルデヒド修飾を含む。一部の実施形態では、平均して、核酸は、１０００ヌクレオチドあたり５０、２０、１０、５、２、又は１未満のアルデヒド修飾を有し、例えば、２つのヌクレオチドの単一の架橋は単一のアルデヒド修飾である。一部の実施形態では、アルデヒド修飾はＲＮＡ付加（例えば、脂質ＲＮＡ付加）である。一部の実施形態では、アルデヒド修飾ヌクレオチドは、塩基間で架橋している。一部の実施形態では、本明細書に記載される核酸（例えば、ＲＮＡ）は、ヌクレオチド間に５０、２０、１０、５、２、又は１未満の架橋を含む。

【１１９４】

一部の実施形態では、ターゲティングドメインの付加により、ＬＮＰを特定の組織に指向させる。例えば、生物学的リガンドをＬＮＰの表面に展示して、同種受容体を展示する細胞との相互作用を増強し、それにより上記受容体との結合並びに細胞が受容体を発現する組織へのカーゴ送達を駆動することができる。一部の実施形態では、生物学的リガンドは、肝臓への送達を駆動するリガンドであり得、例えば、ＧａｌＮＡｃを展示するＬＮＰは、アシアロ糖タンパク質受容体（ＡＳＧＰＲ）を展示する肝細胞に対する核酸カーゴの送達を達成する。Ａｋｉｎｃ ｅｔ ａｌ．Ｍｏｌ Ｔｈｅｒ １８（７）：１３５７－

１３６４　２０１０）の論文は、観察可能なＬＮＰカーゴ効果（例えば、その中の図６を参照）についてＡＳＧＰＲに依存的なＬＮＰを取得するためのＰＥＧ－脂質に対する三価ＧａｌＮＡｃリガンド（ＧａｌＮＡｃ－ＰＥＧ－ＤＳＧ）の共役を教示している。例えば、葉酸塩、トランスフェリン、又は抗体を含む他のリガンド展示ＬＮＰ製剤は、国際公開第２０１７２２３１３５号パンフレット（参照により本明細書に組み込まれる）、更には、そこで使用される参照文献、すなわちＫｏｌｈａｔｋａｒ　ｅｔ　ａｌ．，Ｃｕｒｒ Ｄｒｕｇ Ｄｉｓｃｏｖ Ｔｅｃｈｎｏｌ．２０１１ ８：１９７－２０６；Ｍｕｓａｃｃｈｉｏ ａｎｄ Ｔｏｒｃｈｉｌｉｎ，Ｆｒｏｎｔ Ｂｉｏｓｃｉ．２０１１ １６：１３８８－１４１２；Ｙｕ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌ Ｍｅｍｂｒ Ｂｉｏｌ．２０１０ ２７：２８６－２９８；Ｐａｔｉｌ ｅｔ ａｌ．，Ｃｒｉｔ Ｒｅｖ Ｔｈｅｒ Ｄｒｕｇ Ｃａｒｒｉｅｒ Ｓｙｓｔ．２００８ ２５：１－６１；Ｂｅｎｏｉｔ ｅｔ ａｌ．，Ｂｉｏｍａｃｒｏｍｏｌｅｃｕｌｅｓ．２０１１ １２：２７０８－２７１４；Ｚｈａｏ ｅｔ ａｌ．，Ｅｘｐｅｒｔ Ｏｐｉｎ Ｄｒｕｇ Ｄｅｌｉｖ．２００８ ５：３０９－３１９；Ａｋｉｎｃ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌ Ｔｈｅｒ．２０１０ １８：１３５７－１３６４；Ｓｒｉｎｉｖａｓａｎ ｅｔ ａｌ．，Ｍｅｔｈｏｄｓ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ．２０１２ ８２０：１０５－１１６；Ｂｅｎ－Ａｒｉｅ ｅｔ ａｌ．，Ｍｅｔｈｏｄｓ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ．２０１２ ７５７：４９７－５０７；Ｐｅｅｒ ２０１０ Ｊ Ｃｏｎｔｒｏｌ Ｒｅｌｅａｓｅ．２０：６３－６８；　Ｐｅｅｒ ｅｔ ａｌ．，Ｐｒｏｃ Ｎａｔｌ Ａｃａｄ Ｓｃｉ Ｕ Ｓ Ａ．２００７ １０４：４０９５－４１００；Ｋｉｍ ｅｔ ａｌ．，Ｍｅｔｈｏｄｓ Ｍｏｌ Ｂｉｏｌ．２０１１ ７２１：３３９－３５３；Ｓｕｂｒａｍａｎｙａ ｅｔ ａｌ．，Ｍｏｌ Ｔｈｅｒ．２０１０ １８：２０２８－２０３７；Ｓｏｎｇ ｅｔ ａｌ．，Ｎａｔ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌ．２００５ ２３：７０９－７１７；Ｐｅｅｒ ｅｔ ａｌ．，Ｓｃｉｅｎｃｅ．２００８ ３１９：６２７－６３０；及びＰｅｅｒ ａｎｄ Ｌｉｅｂｅｒｍａｎ，Ｇｅｎｅ Ｔｈｅｒ．２０１１ １８：１１２７－１１３３で論じられている。

【１１９５】

一部の実施形態では、イオン化性脂質、両性リン脂質、コレステロール及びポリ（エチレングリコール）（ＰＥＧ）脂質などの伝統的成分を含む製剤に対するＳｅｌｅｃｔｉｖｅ ＯＲｇａｎ Ｔａｒｇｅｔｉｎｇ（ＳＯＲＴ）分子の添加により、組織特異的活性についてＬＮＰを選択する。Ｃｈｅｎｇ ｅｔ ａｌ．Ｎａｔ Ｎａｎｏｔｅｃｈｎｏｌ １５（４）：３１３－３２０（２０２０）の教示は、補足的「ＳＯＲＴ」成分の添加により、インビボＲＮＡ送達プロファイルを厳密に改変し、ＳＯＲＴ分子のパーセンテージ及び生物物理学的特性に応じて組織特異的（例えば、肺、肝臓、脾臓）遺伝子送達を媒介することを実証している。

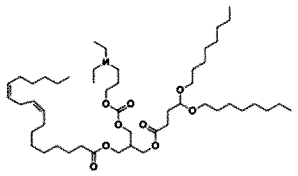
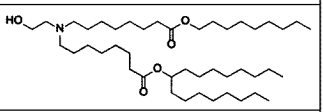
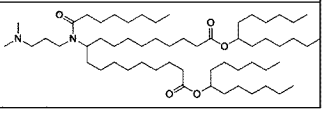
【１１９６】

一部の実施形態では、ＬＮＰは、生分解性、イオン化性脂質を含む。一部の実施形態では、ＬＮＰは、オクタデカ－９，１２－ジエン酸（９Ｚ，ｌ２Ｚ）－３－（（４，４－ビス（オクチルオキシ）ブタノイル）オキシ）－２－（（（（３－ジエチルアミノ）プロポキシ）カルボニル）オキシ）メチル）プロピルを含み、これは、（９Ｚ，ｌ２Ｚ）－オクタデカ－９，１２－ジエン酸）３－（（４，４－ビス（オクチルオキシ）ブタノイル）オキシ）－２－（（（（３－ジエチルアミノ）プロポキシ）カルボニル）オキシ）メチル）プロピルとも呼ばれる。例えば、国際公開第２０１９／０６７９９２号パンフレット、国際公開第２０１７／１７３０５４号パンフレット、国際公開第２０１５／０９５３４０号パンフレット及び国際公開第２０１４／１３６０８６号パンフレット並びにそこに記載される参照文献に記載の脂質を参照されたい。一部の実施形態では、ＬＮＰ脂質に関して、カチオン（性）及びイオン化性という用語は互換可能であり、例えば、イオン化性脂質は、ｐＨによってはカチオン性である。

【１１９７】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるＬＮＰは、表１９に記載される脂質を含む。

【１１９８】
【表１９】
表 19. 例示的な脂質

| 脂質ID | 化学名 | 分子量 | 構造 |
|---|---|---|---|
| LIPIDV003 | (9Z,12Z)-3-((4,4-ビス(オクチルオキシ)ブタノイル)オキシ)-2-((((3-(ジエチルアミノ)プロポキシ)カルボニル)オキシ)メチル)プロピルオクタデカ-9, 12-ジエノエート | 852.29 |  |
| LIPIDV004 | ヘプタデカン-9-イル8-((2-ヒドロキシエチル)(8-(ノニルオキシ)-8-オキソオクチル)アミノ)オクタノエート | 710.18 |  |
| LIPIDV005 | | 919.56 |  |

【１１９９】
一部の実施形態では、遺伝子組換えシステムの複数の構成要素を単一のＬＮＰ製剤として調製し得、例えば、ＬＮＰ製剤は、遺伝子組換えポリペプチドコードするｍＲＮＡ及びＲＮＡ鋳型を含む。核酸成分の比は、治療薬の特性を最大にするために変動させ得る。一部の実施形態では、ＲＮＡ鋳型と、遺伝子組換えポリペプチドコードするｍＲＮＡの比は、モル比で約１：１～１００：１、例えば、約１：１～２０：１、約２０：１～４０：１、約４０：１～６０：１、約６０：１～８０：１、又は約８０：１～１００：１である。他の実施形態では、複数の核酸のシステムは、個別の製剤、例えば、鋳型ＲＮＡを含む１つのＬＮＰ製剤と、遺伝子組換えポリペプチドコードするｍＲＮＡを含む第２のＬＮＰ製剤により調製され得る。一部の実施形態では、システムは、ＬＮＰに製剤化された３つ以上の核酸成分を含み得る。一部の実施形態では、システムは、少なくとも１つのＬＮＰに製剤化された、タンパク質、例えば、遺伝子組換えシステム、及び鋳型ＲＮＡを含み得る。

【１２００】
一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、例えば、動的光散乱法（ＤＬＳ）により測定して、数１０ｎｍ～数１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約４０ｎｍ～約１５０ｎｍ、例えば、約４０ｎｍ、４５ｎｍ、５０ｎｍ、５５ｎｍ、６０ｎｍ、６５ｎｍ、７０ｎｍ、７５ｎｍ、８０ｎｍ、８５ｎｍ、９０ｎｍ、９５ｎｍ、１００ｎｍ、１０５ｎｍ、１１０ｎｍ、１１５ｎｍ、１２０ｎｍ、１２５ｎｍ、１３０ｎｍ、１３５ｎｍ、１４０ｎｍ、１４５ｎｍ又は１５０ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約５０ｎｍ～約１００ｎｍ、約５０ｎｍ～約９０ｎｍ、約５０ｎｍ～約８０ｎｍ、約５０ｎｍ～約７０ｎｍ、約５０ｎｍ～約６０ｎｍ、約６０ｎｍ～約１００ｎｍ、約６０ｎｍ～約９０ｎｍ、約６０ｎｍ～約８０ｎｍ、約６０ｎｍ～約７０ｎｍ、約７０ｎｍ～約１００ｎｍ、約７０ｎｍ～約９０ｎｍ、約７０ｎｍ～約８０ｎｍ、約８０ｎｍ～約１００ｎｍ、約８０ｎｍ～約９０ｎｍ又は約９０ｎｍ～約１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約７０ｎｍ～約１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約８０ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約１００ｎｍであり得る。一部の実施形態では、ＬＮＰ製剤の平均ＬＮＰ径は、約１ｍｍ～約５００ｍｍ、約５ｍｍ～約２００ｍｍ、約１０ｍｍ～約１００ｍｍ、約２０ｍｍ～約８０ｍｍ、約２５ｍｍ～約６０ｍｍ、約３０ｍｍ～約５５ｍｍ、約３５ｍｍ～約５０ｍｍ、又は約３８ｍｍ～約４２ｍｍの範囲である。

【１２０１】
ＬＮＰは、いくつかの事例では、比較的均質であり得る。多分散指数を用いて、ＬＮＰ

の均質性、例えば、脂質ナノ粒子の粒度分布を示すことができる。低い（例えば、０．３未満の）多分散指数は、概して、狭い粒度分布を示す。ＬＮＰは、約０～約０．２５、例えば、０．０１、０．０２、０．０３、０．０４、０．０５、０．０６、０．０７、０．０８、０．０９、０．１０、０．１１、０．１２、０．１３、０．１４、０．１５、０．１６、０．１７、０．１８、０．１９、０．２０、０．２１、０．２２、０．２３、０．２４、又は０．２５の多分散指数を有し得る。一部の実施形態では、ＬＮＰの多分散指数は、約０．１０～約０．２０であり得る。

【１２０２】

ＬＮＰのゼータ電位を用いて、組成物の界面動電位を示すことができる。一部の実施形態では、ゼータ電位は、ＬＮＰの表面電荷を表し得る。高度に荷電された種は、身体内の細胞、組織、及び他の要素と不必要に相互作用する可能性があるため、正又は負の比較的低い電荷を持つ脂質ナノ粒子が一般的に望ましい。一部の実施形態では、ＬＮＰのゼータ電位は、約－１０ｍＶ～約＋２０ｍＶ、約－１０ｍＶ～約＋１５ｍＶ、約－１０ｍＶ～約＋１０ｍＶ、約－１０ｍＶ～約＋５ｍＶ、約－１０ｍＶ～約０ｍＶ、約－１０ｍＶ～約－５ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋２０ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋１５ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋１０ｍＶ、約－５ｍＶ～約＋５ｍＶ、約－５ｍＶ～約０ｍＶ、約０ｍＶ～約＋２０ｍＶ、約０ｍＶ～約＋１５ｍＶ、約０ｍＶ～約＋１０ｍＶ、約０ｍＶ～約＋５ｍＶ、約＋５ｍＶ～約２０ｍＶ、約＋５ｍＶ～約１５ｍＶ又は約＋５ｍＶ～約１０ｍＶであり得る。

【１２０３】

タンパク質及び／又は核酸、例えば、遺伝子組換えポリペプチド若しくはポリペプチドをコードするｍＲＮＡの封入の効率は、提供される初期量と比較して、封入されるか若しくは調製後にＬＮＰと結合されるタンパク質及び／又は核酸の量を表す。封入効率は、高い（例えば、１００％近く）のが望ましい。封入効率は、例えば、１若しくは複数種の溶媒又はデタージェントで脂質ナノ粒子を分解する前と後で、脂質ナノ粒子を含有する溶液中のタンパク質又は核酸の量を比較することにより、測定することができる。アニオン交換樹脂を用いて、溶液中の遊離タンパク質又は核酸（例えば、ＲＮＡ）の量を測定することができる。蛍光を用いて、溶液中の遊離タンパク質又は核酸（例えば、ＲＮＡ）の量を測定することができる。本明細書に記載の脂質ナノ粒子の場合、タンパク質及び／又は核酸の封入効率は、少なくとも５０％、例えば、５０％、５５％、６０％、６５％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９１％、９２％、９３％、９４％、９５％、９６％、９７％、９８％、９９％若しくは１００％であり得る。一部の実施形態では、封入効率は、少なくとも８０％であり得る。一部の実施形態では、封入効率は、少なくとも９０％であり得る。一部の実施形態では、封入効率は、少なくとも９５％であり得る。

【１２０４】

ＬＮＰは、任意選択で、１つ又は複数のコーティングを含み得る。一部の実施形態では、ＬＮＰは、コーティングを有するカプセル、フィルム又は錠剤に製剤化され得る。本明細書に記載の組成物を含むカプセル、フィルム又は錠剤は、任意の有用なサイズ、引張強度、硬度若しくは密度を有し得る。

【１２０５】

ＬＮＰの更に別の例示的な脂質、製剤、方法、及び特性決定は、国際公開第２０２００６１４５７号パンフレットに教示されており、これは、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１２０６】

一部の実施形態では、Ｌｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ＭｅｓｓｅｎｇｅｒＭａｘ（Ｔｈｅｒｍｏ Ｆｉｓｈｅｒ）又はＴｒａｎｓＩＴ－ｍＲＮＡ Ｔｒａｎｓｆｅｃｔｉｏｎ Ｒｅａｇｅｎｔ（Ｍｉｒｕｓ Ｂｉｏ）を用いて、インビトロ又はエクスビボ細胞リポフェクションを実施する。特定の実施形態では、ＧｅｎＶｏｙ＿ＩＬＭ ｉｏｎｉｚａｂｌｅ ｌｉｐｉｄ ｍｉｘ（Ｐｒｅｃｉｓｉｏｎ ＮａｎｏＳｙｓｔｅｍｓ）を用いて、ＬＮＰを製剤化する。特定の実施形態では、ＬＮＰは、２，２－ジリノレイル－４－ジメチルアミノエチル－［１，３］－ジオキソラン（ＤＬｉｎ－ＫＣ２‐ＤＭＡ）又はジリノレ

イルメチル－４－ジメチルアミノ酪酸塩（ＤＬｉｎ－ＭＣ３－ＤＭＡ若しくはＭＣ３）を用いて、ＬＮＰを製剤化するが、その製剤及びインビボでの使用については、Ｊａｙａｒａｍａｎ　ｅｔ　ａｌ．Ａｎｇｅｗ　Ｃｈｅｍ　Ｉｎｔ　Ｅｄ　Ｅｎｇｌ　５１（３４）：８５２９－８５３３（２０１２）に教示されており、その全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１２０７】

ＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓシステム、例えば、Ｃａｓ９－ｇＲＮＡ　ＲＮＰ、ｇＲＮＡ、Ｃａｓ９　ｍＲＮＡの送達のために最適化されたＬＮＰ製剤は、国際公開第２０１９０６７９９２号パンフレット及び国際公開第２０１９０６７９１０号パンフレットに記載されており、そのいずれも参照により本明細書に組み込まれる。

【１２０８】

核酸の送達に有用な別の具体的なＬＮＰ製剤は、米国特許第８１５８６０１号明細書及び米国特許第８１６８７７５号明細書（そのいずれも参照により本明細書に組み込まれる）に記載されており、これは、ＯＮＰＡＴＴＲＯの名称で販売されているパチシランに使用される製剤を含む。

【１２０９】

遺伝子組換えＬＮＰの例示的な用量としては、約０．１、０．２５、０．３、０．５、１、２、３、４、５、６、８、１０、又は１００　ｍｇ／ｋｇ（ＲＮＡ）を挙げることができる。システムの１つ若しくは複数の成分をコードする核酸を含むＡＡＶの例示的な用量としては、約$10^{11}$、$10^{12}$、$10^{13}$、及び$10^{14}$ｖｇ／ｋｇのＭＯＩを挙げることができる。

【１２１０】

キット、製品、及び医薬組成物

一態様では、本開示は、例えば、本明細書に記載される、遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えシステムを含むキットを提供する。一部の実施形態では、キットは、遺伝子組換えポリペプチド（又はポリペプチドをコードする核酸）及び鋳型ＲＮＡ（又は鋳型ＲＮＡをコードするＤＮＡ）を含む。一部の実施形態では、キットは、細胞にシステムを導入するための試薬、例えば、トランスフェクション試薬、ＬＮＰなどを更に含む。一部の実施形態では、キットは、本明細書に記載される方法のいずれかに好適である。一部の実施形態では、キットは、例えば、製品内に配置されるような、１つ若しくは複数のエレメント、組成物（例えば、医薬組成物）、遺伝子組換えポリペプチド、及び／又は遺伝子組換えシステム又はその機能的フラグメント若しくは成分を含む。一部の実施形態では、キットは、その使用説明書を含む。

【１２１１】

一態様では、本開示は、製品、例えば、その中に本明細書に記載されるキット、又はその要素が配置される製品を提供する。

【１２１２】

一態様では、本開示は、例えば、本明細書に記載される、遺伝子組換えポリペプチド又は遺伝子組換えシステムを含む医薬組成物を提供する。一部の実施形態では、医薬組成物は、薬学的に許容される担体又は賦形剤を更に含む。一部の実施形態では、医薬組成物は、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡを含む。複数の実施形態では、医薬組成物は、以下の特徴の１つ又は複数（例えば、１、２、３若しくは４つ）を有する：

（ａ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）のＤＮＡ鋳型；

（ｂ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の非キャップＲＮＡ；

（ｃ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに

対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の部分長ＲＮＡ；
（ｄ）未反応キャップジヌクレオチドを実質的に含まない。
【１２１３】
化学、製造、及び制御（ＣＭＣ）
タンパク質治療薬の精製は、例えば、Ｆｒａｎｋｓ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｂｉｏｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙ：Ｉｓｏｌａｔｉｏｎ，Ｃｈａｒａｃｔｅｒｉｚａｔｉｏｎ，ａｎｄ Ｓｔａｂｉｌｉｚａｔｉｏｎ，Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１３）；及びＣｕｔｌｅｒ，Ｐｒｏｔｅｉｎ Ｐｕｒｉｆｉｃａｔｉｏｎ Ｐｒｏｔｏｃｏｌｓ（Ｍｅｔｈｏｄｓ ｉｎ Ｍｏｌｅｃｕｌａｒ Ｂｉｏｌｏｇｙ），Ｈｕｍａｎａ Ｐｒｅｓｓ（２０１０）に記載されている。
【１２１４】
一部の実施形態では、遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、特定の品質基準を満たす。一部の実施形態では、本明細書に記載される方法により生産された遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）は、特定の品質基準を満たす。従って、本開示は、いくつかの態様では、例えば、前記品質基準が検定される、特定の品質基準を満たす遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）を製造する方法に関する。本開示は、いくつかの態様では、遺伝子組換えシステム、ポリペプチド、及び／又は鋳型核酸（例えば、鋳型ＲＮＡ）で前記品質基準を検定する方法にも関する。一部の実施形態では、品質基準として、限定はしないが、以下の１つ又は複数（例えば、１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１又は１２）が挙げられる：
（ｉ）鋳型ＲＮＡの長さ、例えば、鋳型ＲＮＡが、標準長さを超えるか、又は標準長さ範囲内の長さを有するか否か、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、１００、１２５、１５０、１７５若しくは２００ヌクレオチド長を超えるか否か；
（ｉｉ）鋳型ＲＮＡ上のポリＡテールの存在、非存在、及び／又は長さ、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、ポリＡテール（例えば、少なくとも５、１０、２０、３０、５０、７０、１００ヌクレオチド長のポリＡテール）（配列番号１５４７１）を含むか否か；
（ｉｉｉ）鋳型ＲＮＡ上の５’キャップの存在、非存在、及び／又は種類、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、５’キャップを含むか否か、例えば、上記キャップが、７－メチルグアノシンキャップ、例えば、Ｏ－Ｍｅ－ｍ７Ｇキャップであるか否か；
（ｉｖ）鋳型ＲＮＡ中の１つ若しくは複数の修飾ヌクレオチド（例えば、プソイドウリジン、ジヒドロウリジン、イノシン、７－メチルグアノシン、１－Ｎ－メチルプソイドウリジン（１－Ｍｅ－Ψ）、５－メトキシウリジン（５－ＭＯ－Ｕ）、５－メチルシチジン（５ｍＣ）、又はロックドヌクレオチドから選択される）の存在、非存在、及び／又は種類、例えば、存在する鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、１つ又は複数の修飾ヌクレオチドを含むか否か；
（ｖ）鋳型ＲＮＡの安定性（例えば、時間経過による及び／若しくは予め選択した条件下で）、例えば、鋳型ＲＮＡの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、安定性試験の後、インタクトなままである（例えば、１００、１２５、１５０、１７５、又は２００ヌクレオチド長を超える）か否か；
（ｖｉ）ＤＮＡを修飾するためのシステム中の鋳型ＲＮＡの効力、例えば、鋳型ＲＮＡを含むシステムを効力について検定した後に、標的部位の少なくとも１％が修飾されているか否か；
（ｖｉｉ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの長さ、例えば、ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドが、標準長さを超えるか、又は標準長さ範囲内の長さを有するか否か、例えば、存在するポリペプチド、第１の

ポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、６００、６５０、７００、７５０、８００、８５０、９００、９５０、１０００、１０５０、１１００、１１５０、１２００、１２５０、１３００、１３５０、１４００、１４５０、１５００、１６００、１７００、１８００、１９００若しくは２０００アミノ酸長を超える（且つ任意選択で、２５００、２０００、１５００、１４００、１３００、１２００、１１００、１０００、９００、８００、７００若しくは６００アミノ酸長以下である）か否か；

（ｖｉｉｉ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドに対する翻訳後修飾の存在、非存在、及び／又は種類、例えば、ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０、８５、９０、９５、９６、９７、９８若しくは９９％が、リン酸化、メチル化、アセチル化、ミリストイル化、パルミトイル化、イソプレニル化、グリピヤチヨン若しくはリポイル化又はそれらの任意の組合せを含むか否か；

（ｉｘ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチド中の１つ若しくは複数の人工、合成、又は非標準アミノ酸（例えば、オルニチン、β－アラニン、ＧＡＢＡ、δ－アミノレブリン酸、ＰＡＢＡ、Ｄ－アミノ酸（例えば、Ｄ－アラニン若しくはＤ－グルタミン酸）、アミノイソ酪酸、デヒドロアラニン、シスタチオニン、ランチオニン、ジェンコル酸、ジアミノピメリン酸、ホモアラニン、ノルバリン、ノルロイシン、ホモノルロイシン、ホモセリン、Ｏ－メチル－ホモセリン及びＯ－エチル－ホモセリン、エチオニン、セレノシステイン、セレノホモシステイン、セレノメチオニン、セレノエチオニン、テルロシステイン若しくはテルロメチオニンから選択される）の存在、非存在、及び／又は種類、例えば、存在するポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、１つ又は複数の人工、合成、又は非標準アミノ酸を含むか否か；

（ｘ）ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの安定性（例えば、時間経過による及び／若しくは予め選択した条件下で）、例えば、ｗｈｅｔｈｅｒポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの少なくとも８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％が、安定性試験の後に、インタクトなままである（例えば、６００、６５０、７００、７５０、８００、８５０、９００、９５０、１０００、１０５０、１１００、１１５０、１２００、１２５０、１３００、１３５０、１４００、１４５０、１５００、１６００、１７００、１８００、１９００若しくは２０００アミノ酸長を超える（且つ任意選択で、２５００、２０００、１５００、１４００、１３００、１２００、１１００、１０００、９００、８００、７００若しくは６００アミノ酸長以下である））か否か；

（ｘｉ）ＤＮＡを修飾するためのシステム中のポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドの効力、例えば、ポリペプチド、第１のポリペプチド、又は第２のポリペプチドを含むシステムを効力について検定した後に、標的部位の少なくとも１％が修飾されているか否か；又は

（ｘｉｉ）パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、又は宿主細胞タンパク質の１つ又は複数の存在、非存在、及び／若しくはレベル、例えば、システムが、パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、又は宿主細胞タンパク質混入を含まないか若しくは実質的に含まないか否か。

【１２１５】

一部の実施形態では、本明細書に記載されるシステム又は医薬組成物は、エンドトキシンを含まない。

【１２１６】

一部の実施形態では、パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、及び／又は宿主細胞タンパク質の１つ又は複数の存在、非存在、及び／若しくはレベルが決定される。複数の実施形態では、システムが、パイロジェン、ウイルス、真菌、細菌性病原体、及び／又は宿主細胞タンパク質混入を含まないか若しくは実質的に含まないか否かが決定される

。
【１２１７】
一部の実施形態では、本明細書に記載される医薬組成物又はシステムは、以下の特徴１つ又は複数（例えば、１、２、３若しくは４つ）を有する：
（ａ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）のＤＮＡ鋳型；
（ｂ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の非キャップＲＮＡ；
（ｃ）例えば、モル基準で、鋳型ＲＮＡ及び／又はポリペプチドをコードするＲＮＡに対して、１％未満（例えば、０．５％、０．４％、０．３％、０．２％若しくは０．１％未満）の部分長ＲＮＡ；
（ｄ）未反応キャップジヌクレオチドを実質的に含まない。
【実施例】
【１２１８】
実施例１：ヒト細胞におけるＧＦＰ／ＢＦＰアッセイを用いた遺伝子編集ポリペプチドの活性の定量化
この実施例は、例示的な遺伝子組換えポリペプチド及び例示的な鋳型ＲＮＡを含有する遺伝子組換えシステムの使用を説明する。この実施例では、鋳型ＲＮＡは、以下を含有する：
（１）ｇＲＮＡスペーサー；
（２）ｇＲＮＡスカフォールド；
（３）異種目的配列；及び
（４）プライマー結合部位（ＰＢＳ）配列。
【１２１９】
より具体的には、鋳型ＲＮＡは、以下の配列：ＧＣＣＧＡＡＧＣＡＣＴＧＣＡＣＧＣＣＧＴＧＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣＡＣＣＣＴＧＡＣＧＴＡＣＧＧＣＧＴＧＣＡＧＴＧＣＴＴ（配列番号１１，０１０）を含む。
【１２２０】
所与の遺伝子組換えポリペプチド（例えば、本明細書に記載されるもの）及び鋳型ＲＮＡを含む遺伝子組換えシステムが、ＨＥＫ２９３Ｔ　ＢＦＰ発現細胞株中にトランスフェクトされる。遺伝子組換えポリペプチド及び鋳型ＲＮＡは、ＤＮＡ形式におけるヌクレオフェクションによって送達される。具体的には、８００ｎｇの遺伝子組換えポリペプチドプラスミドＤＮＡが、プラスミド形式で２００ｎｇの鋳型ＲＮＡと組み合わされる。プラスミドＤＮＡ形式における組換えポリペプチド及び鋳型ＲＮＡが、２５０，０００個のＨＥＫ２９３Ｔ　ＢＦＰ発現細胞を含有する２５μＬのＳＦ緩衝液に加えられ、細胞が、プログラムＤＳ－１５０を用いてヌクレオフェクトされる。ヌクレオフェクションの後、細胞が、細胞溶解及びゲノムＤＮＡ抽出の前の３日間にわたって、３７℃、５％の$CO_2$で成長される。遺伝子編集活性を分析するために、ＢＦＰ遺伝子座に隣接するプライマーを用いて、遺伝子座にわたって増幅することができる。アンプリコンが、ＩｌｌｕｍｉｎａＭｉＳｅｑを用いてショートリード配列決定によって分析される。ＢＦＰ遺伝子配列の、ＧＦＰ遺伝子配列への変換は、成功した編集を示す。一部の実施形態では、アッセイは、サンプル中のＢＦＰ遺伝子のコピーの少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、又は７０％が、ＧＦＰ遺伝子に変換されることを示すであろう。
【１２２１】
実施例２：ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞におけるプールスクリーニングによる遺伝子組換えポリペプチド選択
この実施例は、ヒトゲノムにおけるコード配列の標的化編集のためのＲＮＡ遺伝子組換

えシステムの使用を説明する。より具体的には、この実施例は、例えば、プールスクリーニング手法により、ヒト細胞内の編集活性について新規な遺伝子組換えポリペプチドを評価する手段としての、遺伝子組換え候補のライブラリーによるＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞の感染、続いて、細胞内のインビトロ遺伝子組換えのための鋳型ガイドＲＮＡ（ｔｇＲＮＡ）のトランスフェクションを説明する。

【１２２２】

本明細書においてアッセイされる遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補はそれぞれ、以下を含む：１）１つのエンドヌクレアーゼ活性部位を不活性化するＮ８６３Ａ突然変異を含有する化膿レンサ球菌（Ｓｔｒｅｐｔｏｃｏｃｃｕｓ ｐｙｏｇｅｎｅｓ）（化膿性レンサ球菌（Ｓ．ｐｙｏｇｅｎｅｓ）；Ｓｐｙ）Ｃａｓ９ニッカーゼ；２）表１０に示される１２２のペプチドリンカーの１つ；及び３）レトロウイルス由来の表６からの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン。用いられる特定のレトロウイルスＲＴドメインは、それらがモノマーとして機能することが予想される場合に選択された。各選択されたＲＴドメインについて、野生型配列並びに一次野生型配列に導入された点突然変異を有する形態が試験された。特に、野生型であるか又は様々な突然変異を含む１４３のＲＴドメインが、表２に列挙される例示的なＲＴドメインに基づいて試験された（図２Ａ）。合計で、１７，４４６のＣａｓ－リンカー－ＲＴ遺伝子組換えポリペプチド（この実験に関して、個々の要素又は候補とも呼ばれる）が試験された。本開示のＲＴドメインは、ファミリー（各「ＲＴファミリー」）に分類され得、各ＲＴファミリーは、レトロウイルス由来の野生型又は参照ＲＴ配列及びそのＲＴ野生型又は参照配列の任意の変異体、例えば、参照ＲＴ配列と比べて１つ又は複数のアミノ酸差を含むＲＴ配列を含む。従って、ＲＴファミリー候補は、本明細書で使用される場合、上記の全ての遺伝子組換えポリペプチド候補を指し、ＲＴ配列は、同定されたＲＴファミリーから選択される。

【１２２３】

本明細書に記載されるシステムは、１）レンチウイルスカセット内のヒトコドン最適化遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補をコードする発現プラスミド、及び２）Ｃａｓによって認識され、それを目的のゲノム遺伝子座に局在化し、またＵ６プロモータによって駆動されるＲＴドメインによって所望の編集の逆転写をゲノムに鋳型化するノンコーディングｔｇＲＮＡ配列を発現するｔｇＲＮＡ発現プラスミドを含む２成分システムである。レンチウイルスカセットは、（ｉ）哺乳動物細胞内の発現のためのＣＭＶプロモータ；（ｉｉ）示されるような遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補；（ｉｉｉ）自己切断Ｔ２Ａポリペプチド；（ｉｖ）哺乳動物細胞における選択を可能にするピューロマイシン耐性遺伝子；及び（ｖ）ポリＡテール終結シグナルを含む。

【１２２４】

遺伝子組換えポリペプチドライブラリー候補を発現する細胞のプールを調製するために、ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞に、遺伝子組換え候補プラスミドライブラリーのプールされたレンチウイルス調製物を形質導入した。ＨＥＫ２９３ Ｌｅｎｔｉ－Ｘ細胞を、レンチウイルスプラスミドトランスフェクションの前に、１５ｃｍプレートに播種した（$12\times10^{6}$個の細胞）。Ｌｅｎｔｉｖｉｒａｌ Ｐａｃｋａｇｉｎｇ Ｍｉｘ（Ｂｉｏｓｅｔｔｉａ、２７ｕｇ）及び遺伝子組換え候補ライブラリーのためのプラスミドＤＮＡ（２７ｕｇ）を用いたレンチウイルスプラスミドトランスフェクションを、製造業者のプロトコルに従って、Ｌｉｐｏｆｅｃｔａｍｉｎｅ ２０００及びＯｐｔｉ－ＭＥＭ培地を用いて、翌日に行った。細胞外ＤＮＡを、翌日、完全な培地交換によって除去し、ウイルス含有培地を、４８時間後に収集した。レンチウイルス培地を、Ｌｅｎｔｉ－Ｘ Ｃｏｎｃｅｎｔｒａｔｏｒ（ＴａＫａＲａ Ｂｉｏｓｃｉｅｎｃｅｓ）を用いて濃縮し、５ｍＬのレンチウイルスアリコートを作製し、－８０℃で貯蔵した。レンチウイルス力価測定を、ピューロマイシン選択後にコロニー形成単位を計数することによって行った。ＢＦＰ発現ゲノムランディングパッドを担持するＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞を、培養プレート中$6\times10^{7}$個の細胞で播種し、細胞当たりの多重感染を最小限に抑えるために０．３感染多重度（ＭＯＩ）で形質導入した。ピューロマイシン（２．５ｕｇ／ｍＬ）を、感染

細胞の選択を可能にするために、感染の４８時間後に加えた。細胞を、少なくとも７日間にわたってピューロマイシン選択下に置き、次に、ｔｇＲＮＡエレクトロポレーションのためにスケールアップした。

【１２２５】

アッセイにおける遺伝子組換えライブラリー候補のゲノム編集能力を決定するために、次に、感染されたＢＦＰ発現ＨＥＫ２９３Ｔ又はＵ２ＯＳ細胞を、ライブラリー候補につき＞１０００×カバレージのために十分な細胞数で、ＢＦＰをＧＦＰに変換するように設計された２００ｎｇのｔｇＲＮＡ（ｇ４又はｇ１０のいずれか）プラスミドによる、２５０，０００個の細胞／ウェルのエレクトロポレーションによってトランスフェクトした。

【１２２６】

ｇ４　ｔｇＲＮＡ（５’－３’）は、以下のとおりである：２０ヌクレオチドスペーサー領域（ＧＣＣＧＡＡＧＣＡＣＴＧＣＡＣＧＣＣＧＴ；配列番号１１，０１１）、スカフォールド領域（ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣ；配列番号１１，０１２）、ＢＦＰをＧＦＰに変化させる単一の塩基対置換（太字）及び機能遺伝子組換え反応の完了時に遺伝子組換えポリペプチドの再エンゲージメントを防ぐＳｐｙＣａｓ９　ＰＡＭ（ＮＧＧからＮＣＧ）における同義点突然変異を導入するＰＡＭ不活性化（下線）をコードする鋳型領域（

【化３１】

(ACCCTGACGTACG; 配列番号 11,013)

）、及び１３ヌクレオチドＰＢＳ（ＧＣＧＴＧＣＡＧＴＧＣＴＴ；配列番号１１，０１４）。

【１２２７】

同様に、ｇ１０　ｔｇＲＮＡ（５’－３’）は、以下のとおりである：２０ヌクレオチドスペーサー領域（ＡＧＡＡＧＴＣＧＴＧＣＴＧＣＴＴＣＡＴＧ；配列番号１１，０１５）、スカフォールド領域（ＧＴＴＴＴＡＧＡＧＣＴＡＧＡＡＡＴＡＧＣＡＡＧＴＴＡＡＡＡＴＡＡＧＧＣＴＡＧＴＣＣＧＴＴＡＴＣＡＡＣＴＴＧＡＡＡＡＡＧＴＧＧＣＡＣＣＧＡＧＴＣＧＧＴＧＣ；配列番号１１，０１６）、ＢＦＰをＧＦＰに変化させる単一の塩基対置換（太字）及び機能遺伝子組換え反応の完了時に遺伝子組換えポリペプチドの再エンゲージメントを防ぐＳｐｙＣａｓ９　ＰＡＭ（ＮＧＧからＮＧＡ）における同義点突然変異を導入するＰＡＭ不活性化（下線）をコードする鋳型領域（

【化３２】

(ACCCTGACCTACGGCGTGCAGTGCTTCGGCCGCTACCCCGATCACAT; 配列番号 11,017)

）、及び１３ヌクレオチドＰＢＳ（ＧＡＡＧＣＡＧＣＡＣＧＡＣ；配列番号１１，０１８）。

【１２２８】

アッセイにおいて様々な構築物のゲノム編集能力を評価するために、細胞を、エレクトロポレーションの６～７日後に、ＧＦＰ発現のために蛍光活性化細胞ソーティング（Ｆｌｕｏｒｅｓｃｅｎｃｅ－Ａｃｔｉｖａｔｅｄ　Ｃｅｌｌ　Ｓｏｒｔｉｎｇ）（ＦＡＣＳ）によってソートした。細胞をソートし、非編集（ＢＦＰ＋）細胞、編集（ＧＦＰ＋）細胞及び不完全な編集（ＢＦＰ－、ＧＦＰ－）細胞の異なる集団として収集した（図３）。非ソート細胞のサンプルも、分析中の富化を決定するために、入力集団として収集した。

【１２２９】

どの遺伝子組換えライブラリー候補が、このアッセイにおいてゲノム編集能力を有するかを決定するために、ゲノムＤＮＡ（ｇＤＮＡ）を、ソート及び非ソート細胞集団から収集し、各集団における遺伝子組換えライブラリー候補をシーケンシングすることによって分析した。簡潔に述べると、遺伝子組換え配列を、レンチウイルスカセットに特異的なプライマーを用いてゲノムから増幅し、ゲノムＤＮＡを希釈するために第２回のＰＣＲにお

いて増幅し、次に、製造業者のプロトコルに従って、Ｏｘｆｏｒｄ　Ｎａｎｏｐｏｒｅ　Ｓｅｑｕｅｎｃｉｎｇ　Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｙを用いてシーケンシングした。

【１２３０】

シーケンシングリードの品質管理の後、少なくとも１５００且つ３２００ヌクレオチド以下のリードを、遺伝子組換えポリペプチドライブラリー配列にマップし、ライブラリー配列との最小で８０％の一致を含むものが、所与の候補と問題なく整列されたと見なされた。アッセイにおいて遺伝子編集を行うことが可能な遺伝子組換え候補を同定するために、編集された集団における各ライブラリー候補のリードカウントを、最初の非ソート集団におけるそのリードカウントと比較した。このプールされたスクリーンのために、ゲノム編集能力を有する遺伝子組換え候補を、非ソート（入力）細胞と比べて変換された（ＧＦＰ＋）集団において富化された候補として選択し、富化は、参照（実施例７に記載されるエレメントＩＤ番号：１７３８０）の富化レベルであるか又はそれを超えると決定された。

【１２３１】

多数の遺伝子組換えポリペプチド候補が、ＧＦＰ＋細胞集団において富化されていることが決定された。例えば、試験された１７，４４６の候補のうち、３，３００超が（非ソートと比べて）ＧＦＰ＋ソート集団において富化を示し、これは、表１に示される、同様の実験条件（ｇ４　ｔｇＲＮＡを用いたＨＥＫ２９３Ｔ；ｇ１０　ｔｇＲＮＡを用いたＨＥＫ２９３Ｔ細胞；又はｇ４　ｔｇＲＮＡを用いたＵ２ＯＳ細胞）下の参照のものと少なくとも同等であった。１７，４４６の候補は、ｇ１０　ｔｇＲＮＡを用いたＵ２ＯＳ細胞でも試験されたが、プールされたスクリーンでは、その実験条件下における非ソート（入力）細胞と比べて、変換された（ＧＦＰ＋）集団において富化された候補を得られなかった。試験される遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットが、更なる分析のために選択された（表Ａ１に列挙されるアミノ酸配列）。

【１２３２】

【表１－１】

表1. スクリーニングされるリンカー及びRT配列の組合せ。この表中の各RTのアミノ酸配列は、表6に示される。

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGSS | 12,001 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１２３３】

【表１－２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,002 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAK | 12,003 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 12,004 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,005 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGEAAAK | 12,006 | MLVAV_P03356_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,007 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,008 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,009 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,010 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,011 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,012 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,013 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,014 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,015 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,016 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,017 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,018 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,019 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,020 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAP | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGGSS | 12,022 | WMSV_P03359_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,023 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,024 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 12,025 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 12,026 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGPAPGSS | 12,027 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,028 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,029 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSPAP | 12,030 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,031 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,032 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,033 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 12,034 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,035 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,036 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 12,037 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,038 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,039 | MLVCB_P08361_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,040 | WMSV_P03359_3mutA |

【１２３４】

【表１－３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSS | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 12,042 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPEAAAK | 12,043 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,044 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,045 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,046 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 12,047 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAP | 12,048 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,049 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,050 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAP | | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,052 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,053 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAPGSS | 12,054 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,055 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,056 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,057 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 12,058 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,059 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGGS | 12,060 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAP | 12,061 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 12,062 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,063 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAP | | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAK | 12,065 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSPAP | 12,066 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,067 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKGGG | 12,068 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,069 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,070 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,071 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,072 | AVIRE_P03360_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,073 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,074 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,075 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,076 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,077 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 12,078 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,079 | XMRV6_A1Z651_3mutA |

【１２３５】

【表１－４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 12,080 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 12,081 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 12,082 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,083 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 12,084 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,085 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,086 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,087 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSS | 12,088 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,089 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSS | 12,090 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,091 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 12,092 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 12,093 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,094 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,095 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,096 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSPAP | 12,097 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,098 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,099 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAK | 12,100 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,101 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAPGGS | 12,102 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 12,103 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGS | 12,104 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSS | 12,105 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,106 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,107 | FLV_P10273_3mutA |
| GSS | | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,109 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGG | 12,110 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,111 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,112 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSEAAAKPAP | 12,113 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,114 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,115 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,116 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGPAPGSS | 12,117 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGS | 12,118 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２３６】

【表１－５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,119 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,120 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,121 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAP | 12,122 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,123 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,124 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 12,125 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,126 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,127 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,128 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,129 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGPAP | 12,130 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,131 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,132 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 12,133 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,134 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGPAPGGS | 12,135 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,136 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,137 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,138 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,139 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 12,140 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,141 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSSEAAAK | 12,142 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 12,143 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,144 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGGSGSS | 12,145 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,146 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,147 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 12,148 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSGGG | 12,149 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,150 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGGG | 12,151 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,152 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGPAPGGS | 12,153 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 12,154 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,155 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,156 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,157 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２３７】

【表１－６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAP | 12,158 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGGS | 12,159 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,160 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 12,161 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,162 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,163 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGG | 12,164 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGPAPGSS | 12,165 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,166 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,167 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,168 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAK | 12,169 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,170 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGGEAAAK | 12,171 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,172 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAPGGS | 12,173 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGGPAP | 12,174 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAK | 12,175 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSS | | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGSGGS | 12,177 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,178 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,179 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 12,180 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,181 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 12,182 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKPAP | 12,183 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 12,184 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,185 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 12,186 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSPAPGGG | 12,187 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,188 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAK | 12,189 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 12,190 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,191 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 12,192 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,193 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 12,194 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,195 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,196 | MLVFF_P26809_3mutA |

【１２３８】

【表１－７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,197 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGG | | AVIRE_P03360_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,199 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,200 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAK | 12,201 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,202 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGPAP | 12,203 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKPAP | 12,204 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,205 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,206 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGGG | 12,207 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSGGG | 12,208 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,209 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 12,210 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,211 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 12,212 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,213 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 12,214 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,215 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,216 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,217 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,218 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGGG | 12,219 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSGGG | 12,220 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 12,221 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,222 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,223 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,224 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 12,225 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGSSGGG | 12,226 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 12,227 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,228 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,229 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,230 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,231 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,232 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 12,233 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,234 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSGGG | 12,235 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２３９】

【表１－８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGSGSS | 12,236 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGG | 12,237 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,238 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,239 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,240 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPEAAAK | 12,241 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,242 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAP | 12,243 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSS | 12,244 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 12,245 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,246 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 12,247 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,248 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,249 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSGSS | 12,250 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGGPAP | 12,251 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,252 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,253 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSPAP | 12,254 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGGPAP | 12,255 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,256 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 12,257 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGGGGS | 12,258 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,259 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGGSGSS | 12,260 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 12,261 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGG | 12,262 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAP | 12,263 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,264 | SFV3L_P27401_2mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,265 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,266 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,267 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 12,268 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAP | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,270 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAP | 12,271 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAP | | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGG | 12,273 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGS | 12,274 | MLVFF_P26809_3mutA |

【１２４０】

【表１－９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAP | 12,275 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,276 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,277 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGS | 12,278 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,279 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,280 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGS | 12,281 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,282 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,283 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,284 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSS | | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 12,286 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSS | 12,287 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGG | 12,288 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAK | 12,289 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,290 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 12,291 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,292 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,293 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,294 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSS | 12,295 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,296 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,297 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGG | 12,298 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,299 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPAP | 12,300 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,301 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPGGG | 12,302 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGPAP | 12,303 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPEAAAK | 12,304 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGEAAAK | 12,305 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSSGGS | 12,306 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,307 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,308 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 12,309 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,310 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,311 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGS | | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,313 | XMRV6_A1Z651_3mutA |

【１２４１】

【表１－１０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGSSPAP | 12,314 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,315 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,316 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,317 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,318 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,319 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGSGGS | 12,320 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,321 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSS | | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 12,323 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAPGGS | 12,324 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSS | 12,325 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,326 | MLVFF_P26809_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 12,327 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 12,328 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,329 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,330 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGS | 12,331 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,332 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,333 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 12,334 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,335 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSEAAAK | 12,336 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKGGG | 12,337 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGS | 12,338 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGGG | 12,339 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,340 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGS | 12,341 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,342 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 12,343 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 12,344 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 12,345 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGGS | 12,346 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 12,347 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,348 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,349 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,350 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGSS | 12,351 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGS | 12,352 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２４２】

【表１－１１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPGGSGSS | 12,353 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,354 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAP | 12,355 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGG | 12,356 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,357 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGS | 12,358 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,359 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGPAPGGS | 12,360 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 12,361 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGG | 12,362 | AVIRE_P03360_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,363 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSSPAP | 12,364 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,365 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGSGGG | 12,366 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,367 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,368 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGGSS | 12,369 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 12,370 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 12,371 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,372 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAK | 12,373 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,374 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSS | | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,376 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGS | 12,377 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,378 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,379 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,380 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 12,381 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGG | 12,382 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,383 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGEAAAK | 12,384 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,385 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,386 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,387 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSS | 12,388 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,389 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAP | 12,390 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,391 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２４３】

【表１－１２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSPAPGGG | 12,392 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,393 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,394 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGGPAP | 12,395 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,396 | MLVMS_P03355 |
| PAPEAAAKGSS | 12,397 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,398 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGS | 12,399 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,400 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,401 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 12,402 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,403 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,404 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,405 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 12,406 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,407 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 12,408 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,409 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKPAP | 12,410 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,411 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGPAPGGS | 12,412 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSPAP | 12,413 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,414 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 12,415 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,416 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,417 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 12,418 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGGG | 12,419 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGGS | 12,420 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPGSS | 12,421 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 12,422 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 12,423 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,424 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSPAP | 12,425 | MLVFF_P26809_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,426 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,427 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGG | 12,428 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSPAP | 12,429 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 12,430 | MLVAV_P03356_3mutA |

【１２４４】

【表１－１３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAPAP | 12,431 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,432 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,433 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSEAAAK | 12,434 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 12,435 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,436 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,437 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPGGG | 12,438 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 12,439 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,440 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,441 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAK | 12,442 | MLVCB_P08361_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,443 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 12,444 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,445 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGGGGG | 12,446 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGSS | 12,447 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAK | 12,448 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 12,449 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGGEAAAK | 12,450 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 12,451 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,452 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,453 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,454 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGGEAAAK | 12,455 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 12,456 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAP | 12,457 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAP | 12,458 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAP | 12,459 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,460 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,461 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,462 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPAPAP | 12,463 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,464 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSGSS | 12,465 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSEAAAK | 12,466 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 12,467 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,468 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,469 | WMSV_P03359_3mut |

【１２４５】

【表１－１４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGGEAAAK | 12,470 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGEAAAK | 12,471 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,472 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,473 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGGGS | 12,474 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 12,475 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 12,476 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 12,477 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 12,478 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 12,479 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSS | 12,480 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,481 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGSSGGG | 12,482 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAK | 12,483 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 12,484 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 12,485 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,486 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,487 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,488 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSAGSAAGSGEF | 12,489 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSEAAAK | 12,490 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 12,491 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,492 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 12,493 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 12,494 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,495 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,496 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,497 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 12,498 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,499 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,500 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSS | 12,501 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPEAAAK | 12,502 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKPAP | 12,503 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAP | 12,504 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,505 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 12,506 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,507 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGG | 12,508 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |

【１２４６】

【表１－１５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSPAP | 12,509 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,510 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,511 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGG | 12,512 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,513 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGS | 12,514 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGSGGSGGS | 12,515 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAP | 12,516 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPAPAPAP | 12,517 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGG | 12,518 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,519 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 12,520 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSEAAAK | 12,521 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,522 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,523 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,524 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 12,525 | MLVMS_P03355_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,526 | FLV_P10273_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,527 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 12,528 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,529 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAP | 12,530 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAPAPAP | 12,531 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,532 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 12,533 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGG | 12,534 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 12,535 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGGG | 12,536 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,537 | FFV_O93209 |
| PAPGGGGSS | 12,538 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,539 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,540 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 12,541 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAP | 12,542 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,543 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 12,544 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,545 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,546 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 12,547 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２４７】

【表１－１６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSS | 12,548 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 12,549 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 12,550 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 12,551 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGS | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGG | 12,553 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 12,554 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 12,555 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKPAP | 12,556 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPGSS | 12,557 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 12,558 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,559 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,560 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSS | 12,561 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,562 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,563 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,564 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,565 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,566 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,567 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,568 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSS | 12,569 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,570 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,571 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,572 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,573 | MLVFF_P26809_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,574 | GALV_P21414_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,575 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,576 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 12,577 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 12,578 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 12,579 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,580 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGG | 12,581 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,582 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 12,583 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGSS | 12,584 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,585 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSEAAAK | 12,586 | BAEVM_P10272_3mutA |

【１２４８】

【表１－１７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGGG | 12,587 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 12,588 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,589 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAP | | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 12,591 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 12,592 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,593 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAP | 12,594 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGGG | 12,595 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,596 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGG | 12,597 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGS | 12,598 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,599 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,600 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,601 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSGGS | 12,602 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSPAP | 12,603 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSSEAAAK | 12,604 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 12,605 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGSSGGS | 12,606 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,607 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 12,608 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 12,609 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGGG | 12,610 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSEAAAK | 12,611 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,612 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSS | 12,613 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 12,614 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAKGGG | 12,615 | AVIRE_P03360_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,616 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGGGSGSS | 12,617 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 12,618 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,619 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 12,620 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAK | 12,621 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 12,622 | FLV_P10273_3mutA |
| GGG | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPEAAAK | 12,624 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,625 | FLV_P10273_3mutA |

【１２４９】

【表１－１８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGEAAAKPAP | 12,626 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 12,627 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGS | 12,628 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 12,629 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAK | 12,630 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGG | 12,631 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSS | 12,632 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 12,633 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,634 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,635 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSSPAP | 12,636 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,637 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 12,638 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAK | 12,639 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,640 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,641 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,642 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,643 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPGGG | 12,644 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,645 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 12,646 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 12,647 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGSSGGG | 12,648 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,649 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,650 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAPGGS | 12,651 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAK | 12,652 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSS | 12,653 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 12,654 | MLVAV_P03356_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,655 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 12,656 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,657 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,658 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,659 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,660 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,661 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGGPAP | 12,662 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSS | | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 12,664 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２５０】

【表１－１９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGG | 12,665 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 12,666 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,667 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 12,668 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,669 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,670 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 12,671 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKGGG | 12,672 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,673 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,674 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 12,675 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 12,676 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,677 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 12,678 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGGS | 12,679 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSGGG | 12,680 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGGS | 12,681 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGGGGS | 12,682 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAPGSS | 12,683 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGGG | 12,684 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGGGSS | 12,685 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGG | 12,686 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 12,687 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,688 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,689 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,690 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,691 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGSSGGS | 12,692 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,693 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,694 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 12,695 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGG | 12,696 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSS | 12,697 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,698 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGPAP | 12,699 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGGS | 12,700 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,701 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,702 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSPAPGGG | 12,703 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２５１】

【表１－２０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGEAAAKGSS | 12,704 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 12,705 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGGGGG | 12,706 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 12,707 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,708 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 12,709 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAK | 12,710 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 12,711 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 12,712 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGSGGG | 12,713 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,714 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,715 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,716 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGS | 12,717 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,718 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGG | 12,719 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,720 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAPGGS | 12,721 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,722 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,723 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 12,724 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSPAP | 12,725 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGG | 12,726 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 12,727 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSS | 12,728 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAP | | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,730 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGG | 12,731 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSEAAAKPAP | 12,732 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSS | 12,733 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSEAAAK | 12,734 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 12,735 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAP | 12,736 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,737 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,738 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,739 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 12,740 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGS | 12,741 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 12,742 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２５２】

【表１－２１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 12,743 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,744 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSGGS | 12,745 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,746 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSEAAAK | 12,747 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGG | 12,748 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 12,749 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,750 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAK | 12,751 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,752 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,753 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,754 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,755 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 12,756 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPGGSGGG | 12,757 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 12,758 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGS | 12,759 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,760 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 12,761 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,762 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 12,763 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 12,764 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,765 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGG | 12,766 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 12,767 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSGGS | 12,768 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 12,769 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAK | 12,770 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,771 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAP | 12,772 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,773 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGGSGSS | 12,774 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,775 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 12,776 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,777 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGS | 12,778 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAP | 12,779 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSS | 12,780 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| SGSETPGTSESATPES | 12,781 | WMSV_P03359_3mut |

【１２５３】

【表１－２２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGG | 12,782 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSPAPGSS | 12,783 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,784 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGS | 12,785 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 12,786 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,787 | MLVFF_P26809_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,788 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,789 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,790 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,791 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,792 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,793 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,794 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAK | 12,795 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 12,796 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGGSS | 12,797 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 12,798 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 12,799 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGGSEAAAK | 12,800 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGGG | 12,801 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGG | 12,802 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGGG | 12,803 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,804 | AVIRE_P03360 |
| PAPGSSGGS | 12,805 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGS | 12,806 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKPAP | 12,807 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGG | | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,809 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 12,810 | MLVMS_P03355_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 12,811 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 12,812 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 12,813 | MLVAV_P03356_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,814 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAP | 12,815 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGSEAAAK | 12,816 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGG | 12,817 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSEAAAK | 12,818 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGS | | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 12,820 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２５４】

【表１－２３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAP | 12,821 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,822 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 12,823 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGG | 12,824 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,825 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGG | 12,826 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,827 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGPAP | 12,828 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,829 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,830 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 12,831 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSS | | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGS | 12,833 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGGSPAP | 12,834 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSS | 12,835 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSS | 12,836 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSSGGG | 12,837 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,838 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPAPAP | 12,839 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 12,840 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 12,841 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 12,842 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 12,843 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,844 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGS | 12,845 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,846 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAK | 12,847 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 12,848 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 12,849 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,850 | FLV_P10273_3mut |
| GSSEAAAKPAP | 12,851 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 12,852 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 12,853 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,854 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 12,855 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,856 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPAPAP | 12,857 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 12,858 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 12,859 | PERV_Q4VFZ2_3mut |

【１２５５】

【表１－２４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 12,860 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGSSGGG | 12,861 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 12,862 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,863 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGGG | 12,864 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,865 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGGS | 12,866 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSS | 12,867 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGPAP | 12,868 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSPAP | 12,869 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,870 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSS | 12,871 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,872 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAP | 12,873 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 12,874 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGG | 12,875 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 12,876 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGPAP | 12,877 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 12,878 | AVIRE_P03360_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,879 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAP | 12,880 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,881 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 12,882 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 12,883 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAP | 12,884 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSEAAAK | 12,885 | FLV_P10273_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,886 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGG | 12,887 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,888 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 12,889 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGGG | 12,890 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,891 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGSPAP | 12,892 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 12,893 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGS | 12,894 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 12,895 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,896 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,897 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 12,898 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２５６】

【表１－２５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGS | | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 12,900 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,901 | XMRV6_A1Z651 |
| GGGGG | 12,902 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 12,903 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGG | 12,904 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGG | 12,905 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSS | 12,906 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 12,907 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGSGSS | 12,908 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKPAP | 12,909 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 12,910 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGG | 12,911 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSPAPGGS | 12,912 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGGGGS | 12,913 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSSGGS | 12,914 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGS | | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGG | 12,916 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,917 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGGGSS | 12,918 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGGGGG | 12,919 | BAEVM_P10272_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 12,920 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGG | 12,921 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGSSGSS | 12,922 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 12,923 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,924 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGGGGG | 12,925 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGSS | 12,926 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 12,927 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 12,928 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,929 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,930 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSSEAAAK | 12,931 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 12,932 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,933 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 12,934 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 12,935 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAPGSS | 12,936 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPGGSGGG | 12,937 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１２５７】

【表１－２６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGGG | 12,938 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSEAAAK | 12,939 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 12,940 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 12,941 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGSGSS | 12,942 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGPAP | 12,943 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 12,944 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGSPAP | 12,945 | MLVCB_P08361_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 12,946 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAPAPAP | 12,947 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGS | 12,948 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 12,949 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSPAP | 12,950 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGS | 12,951 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 12,952 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGGGSS | 12,953 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSS | 12,954 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,955 | FFV_O93209_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 12,956 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGG | 12,957 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAK | 12,958 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 12,959 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGG | | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGG | 12,961 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 12,962 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 12,963 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 12,964 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 12,965 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSS | 12,966 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 12,967 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGG | 12,968 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAPAP | 12,969 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 12,970 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGG | 12,971 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGG | 12,972 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGSGSS | 12,973 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,974 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSGGSGGS | 12,975 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 12,976 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２５８】

【表１－２７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 12,977 | XMRV6_A1Z651 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,978 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 12,979 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGPAPGSS | 12,980 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGG | 12,981 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 12,982 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGS | 12,983 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSPAP | 12,984 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 12,985 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGSGSS | 12,986 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSS | | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSS | | WMSV_P03359_3mut |
| GGGPAPGSS | 12,989 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAP | 12,990 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 12,991 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPGSS | 12,992 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 12,993 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 12,994 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGG | 12,995 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 12,996 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGGGSS | 12,997 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 12,998 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 12,999 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGGGSS | 13,000 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 13,001 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSEAAAK | 13,002 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSAGSAAGSGEF | 13,003 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,004 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,005 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,006 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 13,007 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSPAP | 13,008 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPAPAP | 13,009 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 13,010 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAPGSS | 13,011 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAP | | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 13,013 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,014 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 13,015 | XMRV6_A1Z651_3mut |

【１２５９】

【表１－２８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSPAPGGG | 13,016 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 13,017 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGG | 13,018 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGSS | 13,019 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGSS | 13,020 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,021 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,022 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 13,023 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGSSGGG | 13,024 | MLVFF_P26809_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,025 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,026 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSGGG | 13,027 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 13,028 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 13,029 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSS | | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,031 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSS | 13,032 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGSGGG | 13,033 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,034 | MLVCB_P08361_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,035 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGGGGS | 13,036 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,037 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAK | 13,038 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGG | | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,040 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGSGSS | 13,041 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 13,042 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 13,043 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKPAPGGG | 13,044 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 13,045 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 13,046 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,047 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,048 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKGGS | 13,049 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 13,050 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,051 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAP | 13,052 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,053 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGG | 13,054 | BAEVM_P10272_3mut |

【１２６０】

【表１－２９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGSS | 13,055 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,056 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,057 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGG | 13,058 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,059 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,060 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 13,061 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSS | 13,062 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPEAAAKGGS | 13,063 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSS | | MLVMS_P03355_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 13,065 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,066 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSGGGGS | 13,067 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAK | 13,068 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGGS | 13,069 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,070 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGG | 13,071 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 13,072 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 13,073 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSS | 13,074 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,075 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGGSS | 13,076 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 13,077 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSS | | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 13,079 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 13,080 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGPAPEAAAK | 13,081 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGGGGS | 13,082 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,083 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,084 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,085 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSPAPEAAAK | 13,086 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,087 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,088 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,089 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGG | 13,090 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,091 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,092 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGPAPEAAAK | 13,093 | MLVFF_P26809_3mutA |

【１２６１】

【表１－３０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGPAPGGS | 13,094 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGG | 13,095 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGEAAAKPAP | 13,096 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGS | 13,097 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 13,098 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,099 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGPAP | 13,100 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,101 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPAP | 13,102 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,103 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSGGGPAP | 13,104 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAP | 13,105 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGSPAP | 13,106 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPGGG | 13,107 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,108 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAP | 13,109 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSS | 13,110 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,111 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,112 | FOAMV_P14350 |
| PAPGSSGGG | 13,113 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKPAP | 13,114 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGS | 13,115 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 13,116 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,117 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSEAAAK | 13,118 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 13,119 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGGG | 13,120 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKPAP | 13,121 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,122 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGG | 13,123 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGEAAAK | 13,124 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGS | 13,125 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,126 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,127 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,128 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAP | 13,129 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,130 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,131 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,132 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２６２】

【表１－３１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSGGS | 13,133 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,134 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPAP | 13,135 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGGG | 13,136 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSS | 13,137 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 13,138 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,139 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSEAAAKGGS | 13,140 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAP | 13,141 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,142 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGS | 13,143 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 13,144 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,145 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,146 | BAEVM_P10272_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,147 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,148 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGG | 13,149 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,150 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,151 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,152 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGG | 13,153 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGG | 13,154 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGSSGGG | 13,155 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,156 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,157 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 13,158 | FLV_P10273_3mutA |
| GGS | | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,160 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,161 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,162 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,163 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAP | | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,165 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,166 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 13,167 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSGGGPAP | 13,168 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSAGSAAGSGEF | 13,169 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAK | 13,170 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGSS | 13,171 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２６３】

【表１－３２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,172 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,173 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 13,174 | BAEVM_P10272_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,175 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 13,176 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 13,177 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAP | 13,178 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPGGG | 13,179 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPEAAAK | 13,180 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGSSGSS | 13,181 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 13,182 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAP | 13,183 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSAGSAAGSGEF | 13,184 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 13,185 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPEAAAK | 13,186 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,187 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGSSPAP | 13,188 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 13,189 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSS | 13,190 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,191 | BAEVM_P10272_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,192 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 13,193 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGSGGS | 13,194 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGG | 13,195 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGPAP | 13,196 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGSGGG | 13,197 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,198 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,199 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,200 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,201 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,202 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,203 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 13,204 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAK | 13,205 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,206 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,207 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,208 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,209 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGGGG | 13,210 | MLVFF_P26809_3mut |

【１２６４】

【表１－３３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAP | 13,211 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSPAPGGG | 13,212 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGSPAP | 13,213 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,214 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,215 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GSSEAAAKGGS | 13,216 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,217 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,218 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 13,219 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,220 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,221 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGPAP | 13,222 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGGSGSS | 13,223 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,224 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAK | 13,225 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,226 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,227 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,228 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,229 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,230 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSS | 13,231 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAP | 13,232 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 13,233 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSS | | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAP | | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,236 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,237 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGS | 13,238 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGGGG | 13,239 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,240 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,241 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSPAP | 13,242 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,243 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGS | 13,244 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAK | 13,245 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,246 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,247 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 13,248 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGSEAAAK | 13,249 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２６５】

【表１－３４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGSGGG | 13,250 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSSPAP | 13,251 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 13,252 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,253 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,254 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGG | 13,255 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGS | 13,256 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,257 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGSS | 13,258 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAPEAAAK | 13,259 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,260 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSS | | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGG | 13,262 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 13,263 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,264 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGSGGG | 13,265 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAP | 13,266 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 13,267 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGEAAAK | 13,268 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGG | | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 13,270 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,271 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGSS | 13,272 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,273 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGG | 13,274 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGPAP | 13,275 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPGGG | 13,276 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,277 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 13,278 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPAP | 13,279 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSPAPGGS | 13,280 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 13,281 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGGGS | 13,282 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,283 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,284 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSS | 13,285 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,286 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,287 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,288 | MLVAV_P03356_3mutA |

【１２６６】

【表１－３５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKPAPGGS | 13,289 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGS | 13,290 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 13,291 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 13,292 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGGGG | 13,293 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,294 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKGGG | 13,295 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,296 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,297 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 13,298 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,299 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGS | 13,300 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGGGSS | 13,301 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,302 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGGPAP | 13,303 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 13,304 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,305 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSEAAAK | 13,306 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 13,307 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,308 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAP | | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGG | 13,310 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAK | 13,311 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSS | | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,313 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,314 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,315 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPGGSGGG | 13,316 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGPAP | 13,317 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 13,318 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGGGSS | 13,319 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,320 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGGG | 13,321 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,322 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSSGSS | 13,323 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGGGGGS | 13,324 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAP | 13,325 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGG | 13,326 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,327 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１２６７】

【表１－３６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSPAPEAAAK | 13,328 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAP | 13,329 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,330 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,331 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,332 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSEAAAKGGS | 13,333 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAP | 13,334 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,335 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,336 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAK | 13,337 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,338 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGPAPGGS | 13,339 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 13,340 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 13,341 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGEAAAK | 13,342 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,343 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,344 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,345 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSAGSAAGSGEF | 13,346 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAK | 13,347 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,348 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGG | | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,350 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,351 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,352 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGSS | 13,353 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 13,354 | MLVCB_P08361_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,355 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GSSGSSGSS | 13,356 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGG | 13,357 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGS | 13,358 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGG | 13,359 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,360 | WMSV_P03359_3mut |
| PAP | | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 13,362 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 13,363 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,364 | AVIRE_P03360 |
| GGGGS | 13,365 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,366 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |

【１２６８】

【表１－３７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGG | 13,367 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,368 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,369 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGS | 13,370 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 13,371 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,372 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,373 | BAEVM_P10272_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,374 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPGGSGGG | 13,375 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,376 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSGSSPAP | 13,377 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGGG | 13,378 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,379 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,380 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGPAPGGS | 13,381 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,382 | SFV3L_P27401 |
| PAP | | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGS | 13,384 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGSEAAAK | 13,385 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,386 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,387 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGGGEAAAK | 13,388 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,389 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGSS | 13,390 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSGGGGGS | 13,391 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,392 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGSS | 13,393 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,394 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGGPAP | 13,395 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSEAAAKGGG | 13,396 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,397 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,398 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 13,399 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,400 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 13,401 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAK | 13,402 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGGGGG | 13,403 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGG | 13,404 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,405 | BAEVM_P10272_3mutA |

【１２６９】

【表１－３８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGS | 13,406 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 13,407 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,408 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,409 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,410 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGS | | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGPAPGSS | 13,412 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,413 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,414 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGG | 13,415 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,416 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGS | 13,417 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 13,418 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGS | 13,419 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,420 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,421 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGG | 13,422 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGGGGS | 13,423 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,424 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,425 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGS | | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGSPAP | 13,427 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGG | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSS | 13,429 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,430 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,431 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSPAP | 13,432 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,433 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGG | 13,434 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 13,435 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,436 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 13,437 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGSSPAP | 13,438 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,439 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 13,440 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSS | 13,441 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,442 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGS | 13,443 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 13,444 | FLV_P10273_3mutA |

【１２７０】

【表１－３９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSS | | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGG | 13,446 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGS | 13,447 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGSGGSGGS | 13,448 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 13,449 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,450 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSEAAAK | 13,451 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,452 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGGSEAAAK | 13,453 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGG | 13,454 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 13,455 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGG | 13,456 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,457 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGPAPGGS | 13,458 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAP | 13,459 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSS | 13,460 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPGGS | 13,461 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGGSPAP | 13,462 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSGGG | 13,463 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGSS | 13,464 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSEAAAK | 13,465 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAK | 13,466 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,467 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 13,468 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,469 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 13,470 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,471 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGPAPGGS | 13,472 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGS | 13,473 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,474 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGPAP | 13,475 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKPAP | 13,476 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 13,477 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKPAP | 13,478 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGSS | 13,479 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGGG | 13,480 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,481 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 13,482 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,483 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２７１】

【表１－４０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGGEAAAK | 13,484 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 13,485 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSPAP | 13,486 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,487 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSEAAAKGSS | 13,488 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGSEAAAK | 13,489 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 13,490 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGG | 13,491 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,492 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,493 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 13,494 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAK | 13,495 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGSGSS | 13,496 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSS | 13,497 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGGGGS | 13,498 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,499 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,500 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSSEAAAK | 13,501 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGG | 13,502 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,503 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,504 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 13,505 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,506 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,507 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,508 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,509 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGGEAAAK | 13,510 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,511 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGGGG | 13,512 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 13,513 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSSPAP | 13,514 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAPAP | 13,515 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,516 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGGG | 13,517 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,518 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,519 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGGPAP | 13,520 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 13,521 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGGSGSS | 13,522 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２７２】

【表１－４１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSS | | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGGSPAP | 13,524 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAP | 13,525 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGPAPGGS | 13,526 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSSGGG | 13,527 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGG | 13,528 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGS | 13,529 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGSS | 13,530 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKGSS | 13,531 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 13,532 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,533 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGGGSS | 13,534 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,535 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSS | 13,536 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,537 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 13,538 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,539 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,540 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,541 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 13,542 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGGG | 13,543 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGS | 13,544 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAP | | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPAPAP | 13,546 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGG | 13,547 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 13,548 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGGGGSS | 13,549 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,550 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSPAPGGG | 13,551 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAKPAP | 13,552 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAP | | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGS | 13,554 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGG | 13,555 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGGPAP | 13,556 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 13,557 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,558 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,559 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,560 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,561 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２７３】

【表１－４２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKPAPGSS | 13,562 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,563 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGSS | 13,564 | MLVAV_P03356_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,565 | AVIRE_P03360_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,566 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 13,567 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGGGSS | 13,568 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 13,569 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGG | | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGGEAAAK | 13,571 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,572 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSPAPGGG | 13,573 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 13,574 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,575 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,576 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGS | 13,577 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSEAAAK | 13,578 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAP | 13,579 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGEAAAKPAP | 13,580 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,581 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAPGGS | 13,582 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGG | 13,583 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 13,584 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,585 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,586 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GSSGSSGSS | 13,587 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGS | 13,588 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,589 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 13,590 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGGGGS | 13,591 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGGSS | 13,592 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSS | 13,593 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,594 | WMSV_P03359_3mut |
| GGS | | AVIRE_P03360_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,596 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGG | 13,597 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 13,598 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGSSGGS | 13,599 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPEAAAK | 13,600 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２７４】

【表１－４３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,601 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGS | 13,602 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSPAP | 13,603 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,604 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 13,605 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGGSSGGS | 13,606 | MLVCB_P08361_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 13,607 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 13,608 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGGSGGG | 13,609 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGS | 13,610 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGSS | 13,611 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,612 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPAP | 13,613 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,614 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGG | 13,615 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,616 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,617 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAK | 13,618 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,619 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAP | 13,620 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGS | 13,621 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPEAAAKGSS | 13,622 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGSS | 13,623 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPAPAPAPAP | 13,624 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGG | | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGPAP | 13,626 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPEAAAK | 13,627 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAP | | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAP | 13,629 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 13,630 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 13,631 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAPAPAPAP | 13,632 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,633 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,634 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAPGGS | 13,635 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGS | 13,636 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKPAP | 13,637 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 13,638 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGSGGG | 13,639 | KORV_Q9TTC1_3mut |

【１２７５】

【表１－４４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGGEAAAK | 13,640 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 13,641 | AVIRE_P03360 |
| PAPAP | 13,642 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSS | | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSGGG | 13,644 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSPAPGSS | 13,645 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAK | 13,646 | MLVAV_P03356_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 13,647 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPAPAPAP | 13,648 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 13,649 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,650 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGGSGSS | 13,651 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPGGSGGG | 13,652 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGS | | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAK | 13,654 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 13,655 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSPAPGSS | 13,656 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,657 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,658 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSGSS | 13,659 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,660 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 13,661 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,662 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,663 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSPAPEAAAK | 13,664 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGSSGSSGSS | 13,665 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSEAAAK | 13,666 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGG | 13,667 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSPAPGGG | 13,668 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSGGSGGS | 13,669 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 13,670 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,671 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,672 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,673 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAPEAAAK | 13,674 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAK | 13,675 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 13,676 | MLVCB_P08361_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,677 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGG | 13,678 | PERV_Q4VFZ2_3mut |

【１２７６】

【表１－４５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKGSS | 13,679 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGGG | 13,680 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGSSGGG | 13,681 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGS | 13,682 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 13,683 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 13,684 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,685 | KORV_Q9TTC1 |
| PAPGGSGGG | 13,686 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGG | 13,687 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 13,688 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGSS | 13,689 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,690 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,691 | MLVAV_P03356_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,692 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,693 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGG | 13,694 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGEAAAK | 13,695 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,696 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,697 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPAPAPAPAP | 13,698 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAK | 13,699 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,700 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 13,701 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 13,702 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGSGSS | 13,703 | PERV_Q4VFZ2 |
| SGSETPGTSESATPES | 13,704 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGS | 13,705 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGS | 13,706 | FLV_P10273_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,707 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,708 | FFV_O93209_2mut |
| GSSGGSGGG | 13,709 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 13,710 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,711 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSS | 13,712 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,713 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,714 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 13,715 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,716 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAK | 13,717 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |

【１２７７】

【表１－４６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGSGGG | 13,718 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 13,719 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGS | 13,720 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,721 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGG | 13,722 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,723 | BAEVM_P10272_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,724 | SFV1_P23074 |
| GGSGGGPAP | 13,725 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGSS | 13,726 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,727 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 13,728 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAP | 13,729 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,730 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGGS | 13,731 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKEAAAK | 13,732 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 13,733 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 13,734 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 13,735 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGG | | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,737 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGG | 13,738 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGS | 13,739 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGSGGGGSS | 13,740 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,741 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 13,742 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGS | 13,743 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,744 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 13,745 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 13,746 | MLVAV_P03356_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,747 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGG | 13,748 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,749 | FFV_O93209_2mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,750 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSPAPGGG | 13,751 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKGGS | 13,752 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGEAAAK | 13,753 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 13,754 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,755 | BAEVM_P10272_3mutA |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,756 | GALV_P21414_3mutA |

【１２７８】

【表１－４７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGSPAP | 13,757 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKEAAAK | 13,758 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,759 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGS | 13,760 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,761 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,762 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGS | 13,763 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 13,764 | SFV1_P23074 |
| GGGGSGGGGS | 13,765 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,766 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSS | 13,767 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAPGGG | 13,768 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,769 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGS | 13,770 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,771 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGPAPGGS | 13,772 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGSSGGG | 13,773 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 13,774 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGG | 13,775 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGSS | 13,776 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGG | 13,777 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGGGGGS | 13,778 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSEAAAK | 13,779 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGG | 13,780 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,781 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGS | 13,782 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 13,783 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGSGSS | 13,784 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,785 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPGSSEAAAK | 13,786 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,787 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPGSSEAAAK | 13,788 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 13,789 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSPAPGGG | 13,790 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGGS | 13,791 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSGGS | 13,792 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAP | 13,793 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGS | 13,794 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAPGGS | 13,795 | PERV_Q4VFZ2_3mut |

【１２７９】

【表１－４８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGSGGSGGSGGS | 13,796 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGG | 13,797 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAK | 13,798 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGSS | 13,799 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSEAAAK | 13,800 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSPAPGGG | 13,801 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGG | 13,802 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,803 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSPAP | 13,804 | FFV_O93209 |
| GGGGGS | 13,805 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGG | 13,806 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGSS | 13,807 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,808 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,809 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,810 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 13,811 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 13,812 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGSS | 13,813 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSS | | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAP | 13,815 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAP | 13,816 | BAEVM_P10272 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,817 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGGGG | 13,818 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGS | 13,819 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGG | 13,820 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAPAP | 13,821 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,822 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGS | 13,823 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGG | 13,824 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGS | 13,825 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,826 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGG | 13,827 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGGSGSS | 13,828 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPGSS | 13,829 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSGSS | 13,830 | WMSV_P03359_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,831 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 13,832 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,833 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,834 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２８０】

【表１－４９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGGGGS | 13,835 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGGS | 13,836 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGG | 13,837 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 13,838 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGSSGGS | 13,839 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGGG | 13,840 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,841 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAKGGS | 13,842 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKPAPGSS | 13,843 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGSS | 13,844 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGSSGGG | 13,845 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 13,846 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,847 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GSSPAP | 13,848 | FLV_P10273_3mutA |
| GSS | | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 13,850 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSSPAP | 13,851 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGS | 13,852 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 13,853 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 13,854 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGS | 13,855 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,856 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGGS | 13,857 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSPAPEAAAK | 13,858 | FLV_P10273_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 13,859 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPEAAAK | 13,860 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGSSGGG | 13,861 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGG | 13,862 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 13,863 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGSPAP | 13,864 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,865 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 13,866 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSPAP | 13,867 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSEAAAK | 13,868 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,869 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,870 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSEAAAK | 13,871 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGG | | AVIRE_P03360 |
| GGSEAAAKGSS | 13,873 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |

【１２８１】

【表１－５０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKGSS | 13,874 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,875 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,876 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,877 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 13,878 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 13,879 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 13,880 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSPAP | 13,881 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,882 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAP | | MLVCB_P08361_3mut |
| GGS | | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 13,885 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 13,886 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 13,887 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSS | 13,888 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGSGGS | 13,889 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGSGGG | 13,890 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 13,891 | FLV_P10273_3mut |
| GGSGSSGGG | 13,892 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGSGGS | 13,893 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,894 | WMSV_P03359_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,895 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 13,896 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 13,897 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGG | 13,898 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,899 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSGGSGGG | 13,900 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGSS | 13,901 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGS | 13,902 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSEAAAKGGS | 13,903 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGG | 13,904 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSSGGG | 13,905 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSSEAAAK | 13,906 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 13,907 | BAEVM_P10272_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 13,908 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGGEAAAK | 13,909 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,910 | FFV_O93209 |
| EAAAKGGGGGS | 13,911 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSPAPGGG | 13,912 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２８２】

【表１－５１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSS | 13,913 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAK | 13,914 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,915 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,916 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,917 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGPAPGSS | 13,918 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSPAPGGS | 13,919 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPAP | 13,920 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPAPAPAP | 13,921 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 13,922 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGGGSGSS | 13,923 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 13,924 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGGSPAP | 13,925 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 13,926 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGS | | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGGGG | 13,928 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,929 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,930 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGS | 13,931 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 13,932 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,933 | MLVF5_P26810_3mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 13,934 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSPAPGGG | 13,935 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,936 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSSGGS | 13,937 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGGG | 13,938 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSEAAAK | 13,939 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSS | 13,940 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGGG | 13,941 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGG | 13,942 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGGSPAP | 13,943 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 13,944 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGGG | 13,945 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGSGGSGGS | 13,946 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPAP | 13,947 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSEAAAK | 13,948 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGS | 13,949 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGG | 13,950 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGSS | 13,951 | MLVCB_P08361_3mutA |

【１２８３】

【表１－５２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,952 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGGGEAAAK | 13,953 | KORV_Q9TTC1 |
| EAAAKGGSPAP | 13,954 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,955 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 13,956 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGGG | 13,957 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,958 | SFV1_P23074_2mutA |
| EAAAKGSSGGS | 13,959 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSEAAAKPAP | 13,960 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSS | 13,961 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 13,962 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGS | 13,963 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 13,964 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 13,965 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 13,966 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,967 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 13,968 | MLVMS_P03355 |
| GGSGGGPAP | 13,969 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGS | | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 13,971 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGG | 13,972 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSS | 13,973 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGSSPAP | 13,974 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 13,975 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 13,976 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 13,977 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKPAPGGS | 13,978 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,979 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSS | 13,980 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 13,981 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 13,982 | FLV_P10273_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 13,983 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSGGS | 13,984 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 13,985 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 13,986 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGGSGGG | 13,987 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGSGGG | 13,988 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGS | 13,989 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSAGSAAGSGEF | 13,990 | MLVMS_P03355_PLV919 |

【１２８４】

【表１－５３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGSS | 13,991 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGG | 13,992 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 13,993 | WMSV_P03359_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 13,994 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 13,995 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGEAAAKGGS | 13,996 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 13,997 | MLVFF_P26809_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 13,998 | MLVAV_P03356_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 13,999 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAK | 14,000 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,001 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGG | 14,002 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GSSGSS | 14,003 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGSPAP | 14,004 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGGSGGS | 14,005 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,006 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,007 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,008 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,009 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSSEAAAK | 14,010 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,011 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKGGS | 14,012 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSS | 14,013 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSEAAAK | 14,014 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGSSGSS | 14,015 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,016 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKPAP | 14,017 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSGSSEAAAK | 14,018 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,019 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,020 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGGGG | 14,021 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGSS | 14,022 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,023 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGSS | 14,024 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 14,025 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 14,026 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSS | 14,027 | MLVFF_P26809_3mutA |
| PAPGSS | 14,028 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGSS | 14,029 | AVIRE_P03360_3mut |

【１２８５】

【表１－５４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSEAAAK | 14,030 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,031 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKGSSPAP | 14,032 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPGGS | 14,033 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGG | 14,034 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,035 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 14,036 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| SGGSSGGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,037 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSS | 14,038 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGSSGGG | 14,039 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKPAP | 14,040 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,041 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,042 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGG | 14,043 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSGSS | 14,044 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| PAPEAAAK | 14,045 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGPAPGSS | 14,046 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSGGSPAP | 14,047 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSS | 14,048 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,049 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSGGGPAP | 14,050 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| PAPGGS | 14,051 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKGGGGGS | 14,052 | AVIRE_P03360_3mut |
| GSSGGSPAP | 14,053 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGGGGS | 14,054 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,055 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,056 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,057 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,058 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,059 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,060 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,061 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGSSEAAAK | 14,062 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSSPAP | 14,063 | FFV_O93209 |
| GSSGGSPAP | 14,064 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGSS | 14,065 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGSSGGS | 14,066 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGGSPAP | 14,067 | MLVFF_P26809_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 14,068 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |

【１２８６】

【表１－５５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,069 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,070 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,071 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGPAPGGS | 14,072 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 14,073 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,074 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAPGGG | 14,075 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,076 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGGEAAAK | 14,077 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 14,078 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGGG | 14,079 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGGSS | 14,080 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,081 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSPAPGGG | 14,082 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSGSS | 14,083 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAP | 14,084 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 14,085 | MLVMS_P03355 |
| GSSGSSGSS | 14,086 | MLVAV_P03356_3mutA |
| PAPGSSGGS | 14,087 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGS | 14,088 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 14,089 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGSGGS | 14,090 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGGS | 14,091 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGGSPAP | 14,092 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGGGGS | 14,093 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGGSPAP | 14,094 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 14,095 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGGSPAP | 14,096 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGGPAPEAAAK | 14,097 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSEAAAKGSS | 14,098 | MLVMS_P03355 |
| PAPEAAAKGSS | 14,099 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPEAAAKGGS | 14,100 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGGG | 14,101 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGSS | 14,102 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKGGSPAP | 14,103 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGGGSSGGS | 14,104 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPEAAAKGSS | 14,105 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGGGGS | 14,106 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,107 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２８７】

【表１－５６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAP | 14,108 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 14,109 | MLVAV_P03356_3mut |
| PAPAPAPAP | 14,110 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 14,111 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGGGEAAAK | 14,112 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSGGSGGG | 14,113 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGGGSPAP | 14,114 | MLVCB_P08361_3mutA |
| GGGEAAAKGSS | 14,115 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| GGGGSSPAP | 14,116 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGGG | 14,117 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSS | 14,118 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKGSSGGS | 14,119 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 14,120 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKGSSGGS | 14,121 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAK | 14,122 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,123 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSPAPGGG | 14,124 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,125 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,126 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 14,127 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPEAAAK | 14,128 | BLVJ_P03361 |
| GSSGGG | 14,129 | FFV_O93209-Pro |
| GGSGGGEAAAK | 14,130 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAK | 14,131 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGGSSPAP | 14,132 | MLVMS_P03355_3mut |
| GSS | | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,134 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGGSPAP | 14,135 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGSSGSS | 14,136 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,137 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,138 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,139 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,140 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGGGGSGSS | 14,141 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,142 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,143 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGS | | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 14,145 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAK | 14,146 | WMSV_P03359_3mutA |

【１２８８】

【表１－５７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKPAP | 14,147 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| SGSETPGTSESATPES | 14,148 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,149 | AVIRE_P03360_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 14,150 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGS | 14,151 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,152 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,153 | AVIRE_P03360 |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,154 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,155 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,156 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSEAAAK | 14,157 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSPAPGSS | 14,158 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,159 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGSS | 14,160 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGGGGS | 14,161 | AVIRE_P03360_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,162 | FFV_O93209-Pro |
| GGSGGGEAAAK | 14,163 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGGG | 14,164 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGG | 14,165 | FLV_P10273_3mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 14,166 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 14,167 | FFV_O93209 |
| GSSPAPGGS | 14,168 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPGGS | 14,169 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGPAP | 14,170 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAP | 14,171 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSPAPGSS | 14,172 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAP | 14,173 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGGGG | 14,174 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGG | 14,175 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,176 | FOAMV_P14350_2mutA |
| PAPAP | 14,177 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,178 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAP | 14,179 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,180 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGS | 14,181 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,182 | FLV_P10273_3mut |
| GGGGGS | 14,183 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 14,184 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,185 | GALV_P21414_3mutA |

【１２８９】

【表１－５８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGS | 14,186 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGG | 14,187 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPAPAP | 14,188 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGG | 14,189 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,190 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSGGGGS | 14,191 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGG | 14,192 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,193 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 14,194 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGG | 14,195 | BLVJ_P03361_2mutB |
| GGGEAAAKGSS | 14,196 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSSGSS | 14,197 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGGSPAP | 14,198 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| EAAAKGGS | 14,199 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 14,200 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSEAAAK | 14,201 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGS | 14,202 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 14,203 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGSS | 14,204 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 14,205 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,206 | SFV3L_P27401 |
| GSSEAAAKGGG | 14,207 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,208 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGSGGSGGS | 14,209 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGGGSGSS | 14,210 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,211 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKGGG | 14,212 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSEAAAKGGG | 14,213 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGSGGG | 14,214 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGGS | 14,215 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,216 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPEAAAKGSS | 14,217 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,218 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,219 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSGGG | 14,220 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSPAP | 14,221 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGSS | 14,222 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSGGGGSS | 14,223 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGGS | 14,224 | WMSV_P03359_3mutA |

【１２９０】

【表１－５９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGGGGS | 14,225 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGG | 14,226 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSS | 14,227 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,228 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,229 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,230 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGPAPGGS | 14,231 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,232 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPGGGEAAAK | 14,233 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 14,234 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSEAAAK | 14,235 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSS | 14,236 | AVIRE_P03360 |
| GGSPAPEAAAK | 14,237 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGS | 14,238 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSPAPGGG | 14,239 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 14,240 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSPAP | 14,241 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSGSSGGG | 14,242 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGGG | 14,243 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGSEAAAK | 14,244 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSEAAAK | 14,245 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,246 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,247 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGGS | 14,248 | SFVCP_Q87040 |
| PAPGGG | 14,249 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPEAAAK | 14,250 | MLVBM_Q7SVK7 |
| PAPEAAAK | 14,251 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGGGGGS | 14,252 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,253 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGSS | 14,254 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGEAAAK | 14,255 | MLVFF_P26809_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,256 | MLVMS_P03355_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,257 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPAPAP | 14,258 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 14,259 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSGGGGS | 14,260 | FLV_P10273_3mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,261 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| EAAAK | 14,262 | FLV_P10273_3mut |
| PAPAPAP | 14,263 | WMSV_P03359_3mut |

【１２９１】

【表１－６０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,264 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAPEAAAK | 14,265 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSGSSGGG | 14,266 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,267 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,268 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,269 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GSSGGSEAAAK | 14,270 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| SGSETPGTSESATPES | 14,271 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,272 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSS | 14,273 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,274 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 14,275 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGGGSS | 14,276 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGGEAAAK | 14,277 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,278 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGSGGGGSS | 14,279 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGSSPAP | 14,280 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAP | 14,281 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,282 | AVIRE_P03360 |
| GGS | | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKEAAAK | 14,284 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAP | 14,285 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,286 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPGGG | 14,287 | MLVAV_P03356_3mut |
| EAAAKGSS | 14,288 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSGGGGS | 14,289 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGSGGSGGS | 14,290 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAK | 14,291 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSGGS | 14,292 | WMSV_P03359_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 14,293 | MLVAV_P03356_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,294 | FFV_O93209 |
| GSSEAAAKGGG | 14,295 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,296 | FLV_P10273_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,297 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGGGGS | 14,298 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 14,299 | FLV_P10273_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,300 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGS | 14,301 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGS | 14,302 | MLVMS_P03355_3mut |

【１２９２】

【表１－６１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSS | 14,303 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGSPAPGGG | 14,304 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGGGGGS | 14,305 | MLVF5_P26810_3mut |
| PAPAPAPAP | 14,306 | MLVCB_P08361_3mut |
| PAPAP | 14,307 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGSSGGS | 14,308 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,309 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGEAAAK | 14,310 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,311 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGG | 14,312 | FLV_P10273_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,313 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAP | | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSGSS | 14,315 | FFV_O93209_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,316 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSS | 14,317 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,318 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,319 | PERV_Q4VFZ2 |
| PAPGSSGGG | 14,320 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGSGSS | 14,321 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 14,322 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGGGEAAAK | 14,323 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAP | 14,324 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKPAP | 14,325 | MLVF5_P26810_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,326 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGGG | 14,327 | WMSV_P03359_3mut |
| GGSGGSGGS | 14,328 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| GGGGGGGG | 14,329 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGGSS | 14,330 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,331 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,332 | GALV_P21414_3mutA |
| GSSGSSGSS | 14,333 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSPAPGGS | 14,334 | MLVFF_P26809_3mut |
| PAPAPAP | 14,335 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,336 | WMSV_P03359_3mutA |
| PAPAPAPAP | 14,337 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSS | 14,338 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,339 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPGGS | 14,340 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKGGG | 14,341 | PERV_Q4VFZ2 |

【１２９３】

【表１－６２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGSPAP | 14,342 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,343 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSSGGG | 14,344 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGPAPGSS | 14,345 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKGGS | 14,346 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,347 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGSGGGPAP | 14,348 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSS | 14,349 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGGGGS | 14,350 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,351 | MLVAV_P03356_3mut |
| GSSGSS | 14,352 | MLVMS_P03355_3mut |
| EAAAKPAPGGS | 14,353 | FFV_O93209-Pro |
| GGGPAPEAAAK | 14,354 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GSSEAAAKGGG | 14,355 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,356 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGSS | 14,357 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,358 | SFV1_P23074 |
| PAPGSSGGS | 14,359 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 14,360 | MLVMS_P03355 |
| GSSEAAAK | 14,361 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAP | | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,363 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGGGPAP | 14,364 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GSSGSS | 14,365 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 14,366 | MLVMS_P03355 |
| GSSEAAAKGGS | 14,367 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| PAPGGGGGS | 14,368 | MLVFF_P26809_3mut |
| GSSGGG | 14,369 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGS | 14,370 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGG | 14,371 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,372 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSEAAAK | 14,373 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,374 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GSSGGSPAP | 14,375 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,376 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGSGGSGGS | 14,377 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGGGPAP | 14,378 | FLV_P10273_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,379 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGS | 14,380 | FLV_P10273_3mutA |

【１２９４】

【表１－６３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGSGGG | 14,381 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,382 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSGGG | 14,383 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGSGGS | 14,384 | MLVFF_P26809_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,385 | FLV_P10273_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,386 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGG | | SFV3L_P27401_2mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,388 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSGGGPAP | 14,389 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSS | 14,390 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,391 | KORV_Q9TTC1 |
| PAPGGSGGG | 14,392 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,393 | FFV_O93209 |
| GSSGGSPAP | 14,394 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 14,395 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,396 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,397 | AVIRE_P03360_3mut |
| EAAAKPAPGGG | 14,398 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 14,399 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,400 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,401 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGG | | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,403 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSSGGG | 14,404 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSAGSAAGSGEF | 14,405 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGEAAAK | 14,406 | FOAMV_P14350_2mutA |
| PAPEAAAKGGS | 14,407 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,408 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGSGGGGSS | 14,409 | FLV_P10273_3mutA |
| PAPGSSGGS | 14,410 | BAEVM_P10272_3mut |
| PAPEAAAK | 14,411 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,412 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGGGSGSS | 14,413 | FFV_O93209-Pro |
| GGGGGGGG | 14,414 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGGG | 14,415 | FLV_P10273_3mut |
| GSSGGSGGG | 14,416 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GGGGSS | 14,417 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSGGGPAP | 14,418 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSGSS | 14,419 | AVIRE_P03360_3mutA |

【１２９５】

【表１－６４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,420 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAK | 14,421 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,422 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,423 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGGGEAAAK | 14,424 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,425 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGSSEAAAK | 14,426 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGG | | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGGSGSS | 14,428 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGGEAAAK | 14,429 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GSSGGSGGG | 14,430 | AVIRE_P03360_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 14,431 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPGGSGGG | 14,432 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPAPAP | 14,433 | WMSV_P03359_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,434 | SFV1_P23074 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,435 | SRV2_P51517 |
| GSSGGSGGG | 14,436 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,437 | FFV_O93209 |
| GSSGGGPAP | 14,438 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,439 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGGSPAP | 14,440 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSS | 14,441 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPEAAAKGGS | 14,442 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,443 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSEAAAK | 14,444 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKPAPGGS | 14,445 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGSS | 14,446 | WMSV_P03359_3mut |
| PAPGSSGGG | 14,447 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,448 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGS | | MLVRD_P11227_3mut |
| GGGGS | 14,450 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGSGGGGSS | 14,451 | KORV_Q9TTC1 |
| GGSGGG | 14,452 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 14,453 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,454 | FLV_P10273 |
| PAPGGSGGG | 14,455 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,456 | HTL1L_P0C211 |
| GGGEAAAKPAP | 14,457 | WMSV_P03359 |
| GSSGGSPAP | 14,458 | FFV_O93209-Pro |

【１２９６】

【表１－６５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPAPAPAPAP | 14,459 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGGSEAAAK | 14,460 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSPAPGSS | 14,461 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSGGSGGS | 14,462 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,463 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| EAAAKGGS | 14,464 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,465 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,466 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAK | 14,467 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,468 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,469 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGG | 14,470 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGGSEAAAK | 14,471 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,472 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,473 | FFV_O93209_2mutA |
| GSSGGSGGG | 14,474 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,475 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGGGEAAAK | 14,476 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPEAAAKGGG | 14,477 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSGGGGS | 14,478 | AVIRE_P03360 |
| GSSGGGEAAAK | 14,479 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGG | 14,480 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGSS | 14,481 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,482 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,483 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGGG | 14,484 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,485 | MLVBM_Q7SVK7 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,486 | MLVAV_P03356 |
| GGSPAPGSS | 14,487 | BAEVM_P10272_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,488 | BAEVM_P10272 |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,489 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGGGGG | 14,490 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPAP | 14,491 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGGEAAAK | 14,492 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSPAPGGG | 14,493 | FFV_O93209_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,494 | BAEVM_P10272 |
| GGGGGS | 14,495 | MLVF5_P26810_3mutA |
| PAPGGGGSS | 14,496 | FLV_P10273_3mutA |
| GGGEAAAK | 14,497 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |

【１２９７】

【表１－６６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPEAAAKGGG | 14,498 | WMSV_P03359_3mut |
| GSSEAAAK | 14,499 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKEAAAK | 14,500 | AVIRE_P03360 |
| EAAAKGGGGGS | 14,501 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,502 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 14,503 | MLVF5_P26810_3mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,504 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,505 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSPAPGSS | 14,506 | MLVMS_P03355 |
| PAPGSSGGS | 14,507 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,508 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| EAAAKGGG | 14,509 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGSGGG | 14,510 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGGS | 14,511 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGGSGGG | 14,512 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGPAPGGS | 14,513 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GSS | | FFV_O93209 |
| GGSGGSGGS | 14,515 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGGGS | 14,516 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGG | 14,517 | MLVF5_P26810_3mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,518 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPAPAPAP | 14,519 | FFV_O93209-Pro |
| PAP | | MLVF5_P26810_3mut |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,521 | FFV_O93209_2mut |
| EAAAKGSS | 14,522 | MLVCB_P08361_3mut |
| EAAAKGGG | 14,523 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,524 | FFV_O93209_2mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,525 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| PAPGGGEAAAK | 14,526 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,527 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GSSGGG | 14,528 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,529 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGSS | 14,530 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 14,531 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPAPAP | 14,532 | MLVAV_P03356_3mutA |
| GSSGGSPAP | 14,533 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSPAP | 14,534 | AVIRE_P03360 |
| GGSGGGPAP | 14,535 | FFV_O93209 |
| GSSEAAAK | 14,536 | PERV_Q4VFZ2 |

【１２９８】

【表１－６７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGGGPAP | 14,537 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSSEAAAK | 14,538 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,539 | SFVCP_Q87040 |
| GGSGGGPAP | 14,540 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,541 | BLVJ_P03361_2mutB |
| GGGGSSPAP | 14,542 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGS | 14,543 | MLVF5_P26810_3mut |
| GGSEAAAKGSS | 14,544 | MLVCB_P08361_3mut |
| GGGGSSEAAAK | 14,545 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 14,546 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGS | 14,547 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKGGG | 14,548 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,549 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGGPAP | 14,550 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| PAPGGSEAAAK | 14,551 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSPAP | 14,552 | KORV_Q9TTC1 |
| EAAAKPAPGSS | 14,553 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 14,554 | SFV1_P23074 |
| GSSPAP | 14,555 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSPAPGGG | 14,556 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,557 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGPAPGGS | 14,558 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGG | 14,559 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| GSSGGG | 14,560 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 14,561 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 14,562 | FFV_O93209 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,563 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,564 | SFV1_P23074_2mut |
| EAAAKGGSPAP | 14,565 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGS | 14,566 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| EAAAKGSSGGS | 14,567 | GALV_P21414 |
| GSSGGGPAP | 14,568 | MLVAV_P03356 |
| PAPEAAAKGGS | 14,569 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKPAPGGG | 14,570 | AVIRE_P03360_3mut |
| GGSPAP | 14,571 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,572 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSS | 14,573 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSPAPGGG | 14,574 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKPAPGSS | 14,575 | SFV3L_P27401 |

【１２９９】

【表１－６８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKPAP | 14,576 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,577 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| EAAAKGGSGSS | 14,578 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGEAAAKGSS | 14,579 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,580 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPGGSGSS | 14,581 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,582 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,583 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGGSEAAAK | 14,584 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGS | | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGGSEAAAK | 14,586 | MLVMS_P03355 |
| PAPEAAAKGGS | 14,587 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGSSPAP | 14,588 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSPAP | 14,589 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAK | 14,590 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSS | 14,591 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSPAPGSS | 14,592 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPGGS | 14,593 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGSSPAP | 14,594 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSSGGS | 14,595 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPAPAPAPAP | 14,596 | SFV1_P23074 |
| GGSEAAAKGGG | 14,597 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGSGGS | 14,598 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGGGGS | 14,599 | MLVF5_P26810_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,600 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,601 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGPAPGSS | 14,602 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,603 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,604 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGSSGGS | 14,605 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 14,606 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,607 | BAEVM_P10272_3mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,608 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAP | 14,609 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSEAAAK | 14,610 | XMRV6_A1Z651_3mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,611 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGGGGSS | 14,612 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 14,613 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGGGSSGGS | 14,614 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |

【１３００】

【表１－６９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,615 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGGPAP | 14,616 | MLVAV_P03356_3mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,617 | FFV_O93209_2mut |
| GSSEAAAK | 14,618 | FFV_O93209 |
| GGSPAPEAAAK | 14,619 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,620 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSPAPGGS | 14,621 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSS | | SFVCP_Q87040_2mut |
| EAAAKPAP | 14,623 | FOAMV_P14350-Pro |
| EAAAKGGG | 14,624 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAK | 14,625 | AVIRE_P03360_3mutA |
| PAPGSSGGG | 14,626 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGSPAP | 14,627 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGSGGG | 14,628 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 14,629 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGPAPGSS | 14,630 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| PAPGGGEAAAK | 14,631 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSS | 14,632 | SFV1_P23074_2mut |
| GGSEAAAK | 14,633 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGEAAAKPAP | 14,634 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKGGGPAP | 14,635 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,636 | FLV_P10273_3mut |
| EAAAKPAPGSS | 14,637 | FFV_O93209_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,638 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSGSS | 14,639 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,640 | BLVJ_P03361_2mut |
| GGGGSSGGS | 14,641 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKGGSGSS | 14,642 | FFV_O93209-Pro |
| EAAAKPAP | 14,643 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSGGGEAAAK | 14,644 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGGSGGG | 14,645 | BAEVM_P10272 |
| EAAAKGGGPAP | 14,646 | MLVF5_P26810 |
| GSSGSSGSS | 14,647 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSGGS | 14,648 | AVIRE_P03360_3mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,649 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKGGS | 14,650 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGSGSSGGG | 14,651 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAK | 14,652 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGSPAP | 14,653 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |

【１３０１】

【表１－７０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSGGS | 14,654 | KORV_Q9TTC1_3mut |
| PAPGGSGGG | 14,655 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGPAPGGS | 14,656 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,657 | FLV_P10273_3mut |
| GGSGSSPAP | 14,658 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAKGGS | 14,659 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGG | 14,660 | SFV3L_P27401_2mutA |
| SGSETPGTSESATPES | 14,661 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGGS | 14,662 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 14,663 | WMSV_P03359 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,664 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,665 | FFV_O93209 |
| GGGGGG | 14,666 | SFV1_P23074_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,667 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAPGSS | 14,668 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGSGSSEAAAK | 14,669 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSEAAAK | 14,670 | MLVMS_P03355_3mut |
| GGSPAPEAAAK | 14,671 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGPAPGSS | 14,672 | SFV1_P23074 |
| GGGGGSEAAAK | 14,673 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| EAAAKPAPGSS | 14,674 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GSSGSSGSSGSS | 14,675 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKPAP | 14,676 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAK | 14,677 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GGSGGS | 14,678 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGSSGGS | 14,679 | MMTVB_P03365 |
| SGSETPGTSESATPES | 14,680 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGSSGGG | 14,681 | PERV_Q4VFZ2 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,682 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGGPAP | 14,683 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| PAPAPAPAP | 14,684 | SFV3L_P27401 |
| GGGEAAAKGGS | 14,685 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGSGGG | 14,686 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| PAPEAAAKGGS | 14,687 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGEAAAKGSS | 14,688 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,689 | MLVBM_Q7SVK7 |
| PAPGSSGGG | 14,690 | FLV_P10273 |
| GGSGSSGGG | 14,691 | FFV_O93209 |
| EAAAKPAPGSS | 14,692 | MLVBM_Q7SVK7 |

【１３０２】

【表１－７１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSEAAAKGGG | 14,693 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,694 | MLVF5_P26810 |
| GGSEAAAKPAP | 14,695 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| EAAAKGGSPAP | 14,696 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGGGGS | 14,697 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,698 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPAP | 14,699 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPGGSEAAAK | 14,700 | KORV_Q9TTC1-Pro |
| GGSGSS | 14,701 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,702 | FFV_O93209_2mut |
| GSS | | MLVMS_P03355 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,704 | SFV3L_P27401-Pro |
| PAPGGGEAAAK | 14,705 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGGGGS | 14,706 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPGGSGSS | 14,707 | BAEVM_P10272_3mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,708 | FFV_O93209 |
| GGSEAAAKPAP | 14,709 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGGG | 14,710 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,711 | SFV3L_P27401 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,712 | SFV1_P23074-Pro |
| SGSETPGTSESATPES | 14,713 | AVIRE_P03360 |
| PAPGSSGGG | 14,714 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GGGGSSPAP | 14,715 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGGEAAAK | 14,716 | SFV1_P23074 |
| GGSGGG | 14,717 | AVIRE_P03360 |
| EAAAKGSSGGG | 14,718 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSPAPEAAAK | 14,719 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGPAPGSS | 14,720 | WMSV_P03359 |
| EAAAKGSSGGG | 14,721 | MLVMS_P03355 |
| GGGGGSEAAAK | 14,722 | MLVMS_P03355 |
| EAAAKPAPGGS | 14,723 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGSSPAP | 14,724 | SFV3L_P27401 |
| GGGGGGG | 14,725 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,726 | SFV3L_P27401 |
| GSSPAPGGS | 14,727 | FFV_O93209_2mutA |
| GGGGSSEAAAK | 14,728 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGSEAAAKGSS | 14,729 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSEAAAKGSS | 14,730 | BAEVM_P10272_3mutA |
| EAAAKPAPGGG | 14,731 | MLVCB_P08361 |

【１３０３】

【表１－７２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,732 | SFV1_P23074-Pro |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,733 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSPAPGGS | 14,734 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| GGGGSGGGGS | 14,735 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGGSPAP | 14,736 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGSGGS | 14,737 | GALV_P21414_3mutA |
| PAPGSSEAAAK | 14,738 | WMSV_P03359 |
| PAPGGGGSS | 14,739 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSSGGS | 14,740 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GGGGSGGGGS | 14,741 | FFV_O93209_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,742 | XMRV6_A1Z651 |
| GGSGSSEAAAK | 14,743 | SFV1_P23074_2mut |
| GGSGGGGSS | 14,744 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSEAAAKPAP | 14,745 | MLVBM_Q7SVK7 |
| EAAAKGGSPAP | 14,746 | SFV1_P23074_2mutA |
| PAPAPAPAP | 14,747 | FFV_O93209 |
| GSSGGSPAP | 14,748 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGSPAP | 14,749 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,750 | PERV_Q4VFZ2 |
| GSSGGSPAP | 14,751 | BAEVM_P10272 |
| GGGGG | 14,752 | FFV_O93209 |
| GGGGGS | 14,753 | FLV_P10273_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 14,754 | FOAMV_P14350 |
| PAPGGG | 14,755 | MLVCB_P08361_3mut |
| GSSGGSEAAAK | 14,756 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGSPAPGGG | 14,757 | FLV_P10273_3mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,758 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGSPAPEAAAK | 14,759 | SFV3L_P27401 |
| PAPGGGGSS | 14,760 | HTL3P_Q4U0X6_2mutB |
| GGGGSSEAAAK | 14,761 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| PAPGGS | 14,762 | MLVRD_P11227_3mut |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,763 | MMTVB_P03365 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,764 | AVIRE_P03360 |
| GSSGGS | 14,765 | BAEVM_P10272_3mutA |
| GGSGGGGSS | 14,766 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGGGSS | 14,767 | WMSV_P03359 |
| PAPEAAAKGSS | 14,768 | SFV1_P23074 |
| GSSGSSGSSGSS | 14,769 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAPAP | 14,770 | SFV3L_P27401 |

【１３０４】

【表１－７３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPGSSGGG | 14,771 | FLV_P10273_3mut |
| GGSGSSPAP | 14,772 | MLVMS_P03355 |
| GGSGGGPAP | 14,773 | FOAMV_P14350 |
| PAPGGGGGS | 14,774 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,775 | GALV_P21414_3mutA |
| GGSGSSPAP | 14,776 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| EAAAKGSS | 14,777 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,778 | WMSV_P03359 |
| GGGGGGGG | 14,779 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKEAAAK | 14,780 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GGGEAAAKGGS | 14,781 | MLVBM_Q7SVK7 |
| EAAAKGGSPAP | 14,782 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAK | 14,783 | XMRV6_A1Z651 |
| PAPGGGEAAAK | 14,784 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSPAP | 14,785 | GALV_P21414_3mutA |
| GSSPAPGGG | 14,786 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| GGSGSSPAP | 14,787 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGS | | HTL32_Q0R5R2_2mut |
| GGSGGGGSS | 14,789 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,790 | SFVCP_Q87040_2mutA |
| EAAAKGGGPAP | 14,791 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,792 | MMTVB_P03365 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,793 | MLVBM_Q7SVK7_3mutA_WS |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 14,794 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKEAAAK | 14,795 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 14,796 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKPAPGGS | 14,797 | GALV_P21414_3mutA |
| GSSGGSPAP | 14,798 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,799 | MLVAV_P03356 |
| GGGEAAAKPAP | 14,800 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 14,801 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGPAPGSS | 14,802 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,803 | AVIRE_P03360 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,804 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| EAAAKGSSGGS | 14,805 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGGG | 14,806 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSPAPGGS | 14,807 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGSGSSPAP | 14,808 | GALV_P21414_3mutA |
| GGGPAPEAAAK | 14,809 | SFV3L_P27401 |

【１３０５】

【表１－７４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSGGGEAAAK | 14,810 | WMSV_P03359 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,811 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGGGEAAAK | 14,812 | MLVMS_P03355 |
| GGG | | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGS | 14,814 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGGSSPAP | 14,815 | FFV_O93209_2mut |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,816 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGGG | 14,817 | XMRV6_A1Z651 |
| PAPAPAPAPAP | 14,818 | FOAMV_P14350 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,819 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGSGGGPAP | 14,820 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGGG | 14,821 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKPAPGSS | 14,822 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSSGGS | 14,823 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,824 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSSPAP | 14,825 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPGSSGGS | 14,826 | MMTVB_P03365 |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 14,827 | SRV2_P51517 |
| PAPAPAP | 14,828 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| PAPGGGGGS | 14,829 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GGGGSS | 14,830 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,831 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 14,832 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGGG | 14,833 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGGGEAAAK | 14,834 | SFV3L_P27401 |
| PAPGSS | 14,835 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGSGGGGS | 14,836 | SFVCP_Q87040_2mutA |
| GSSGGSGGG | 14,837 | XMRV6_A1Z651 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,838 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GSSEAAAKGGG | 14,839 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,840 | SFV3L_P27401-Pro |
| GSSGGSGGG | 14,841 | SFV1_P23074_2mut |
| EAAAKGGGGSS | 14,842 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGGGG | 14,843 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGG | 14,844 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| PAPEAAAKGGG | 14,845 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGGSPAP | 14,846 | KORV_Q9TTC1_3mutA |
| GGGEAAAKPAP | 14,847 | SFV1_P23074_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,848 | KORV_Q9TTC1-Pro |

【１３０６】

【表１－７５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,849 | SFVCP_Q87040 |
| PAPGSSEAAAK | 14,850 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GSSGSSGSS | 14,851 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGGGPAP | 14,852 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGPAPEAAAK | 14,853 | WMSV_P03359_3mut |
| GGGEAAAK | 14,854 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGSSGSSGSS | 14,855 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 14,856 | FFV_O93209-Pro |
| GGSPAPEAAAK | 14,857 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,858 | GALV_P21414 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,859 | FOAMV_P14350 |
| GGGPAPEAAAK | 14,860 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGSGGG | 14,861 | MLVF5_P26810_3mutA |
| PAPGGSGGG | 14,862 | FLV_P10273_3mut |
| GGGEAAAKGGS | 14,863 | SFV3L_P27401 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,864 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSPAPGGG | 14,865 | MPMV_P07572_2mutB |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,866 | FOAMV_P14350 |
| GGSGGGGSS | 14,867 | BLVJ_P03361_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 14,868 | SFV1_P23074-Pro |
| GGG | | FFV_O93209 |
| EAAAKGGGGSS | 14,870 | SFV1_P23074_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,871 | SRV2_P51517 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,872 | MMTVB_P03365 |
| GGGEAAAKGGS | 14,873 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGSS | 14,874 | SFV1_P23074 |
| GSSGGGGGS | 14,875 | SFV3L_P27401 |
| GGGGSSEAAAK | 14,876 | SFV1_P23074 |
| EAAAKGSSGGS | 14,877 | HTL1A_P03362_2mutB |
| GSSEAAAKGGS | 14,878 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKGSSPAP | 14,879 | SFV1_P23074 |
| EAAAKPAPGSS | 14,880 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPGSSGGG | 14,881 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,882 | SFV3L_P27401-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,883 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSSEAAAK | 14,884 | MLVF5_P26810_3mutA |
| EAAAKGGSPAP | 14,885 | GALV_P21414 |
| PAPEAAAKGSS | 14,886 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGGGGGS | 14,887 | SFVCP_Q87040_2mut |

【１３０７】

【表１－７６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSSPAP | 14,888 | SFV1_P23074 |
| EAAAKGGGGSS | 14,889 | XMRV6_A1Z651 |
| PAPAPAPAP | 14,890 | MMTVB_P03365 |
| GGSEAAAKGSS | 14,891 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GSSPAPGGG | 14,892 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGG | 14,893 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSGGSGGS | 14,894 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAP | 14,895 | WMSV_P03359 |
| GSSPAP | 14,896 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GGGGGSGSS | 14,897 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| EAAAKGSSGGS | 14,898 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| EAAAK | 14,899 | FFV_O93209_2mutA |
| PAPEAAAK | 14,900 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKGGSGSS | 14,901 | SFV3L_P27401 |
| GGSGGSGGS | 14,902 | FFV_O93209-Pro |
| GSSGGGEAAAK | 14,903 | MMTVB_P03365 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,904 | MLVFF_P26809_3mutA |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,905 | HTL1L_P0C211_2mutB |
| GGGEAAAK | 14,906 | SFV3L_P27401-Pro_2mutA |
| GGGGGSGSS | 14,907 | MMTVB_P03365 |
| GSSPAPGGS | 14,908 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKGSS | 14,909 | MLVMS_P03355 |
| GSSGGSGGG | 14,910 | FFV_O93209-Pro |
| GGSGGGGSS | 14,911 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GGSPAPGSS | 14,912 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 14,913 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,914 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGSGGSGGS | 14,915 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,916 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,917 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPEAAAK | 14,918 | WDSV_O92815 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,919 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 14,920 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSPAPEAAAK | 14,921 | FOAMV_P14350 |
| GSSGSS | 14,922 | PERV_Q4VFZ2 |
| GGG | | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 14,924 | FFV_O93209_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,925 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGSSPAP | 14,926 | WMSV_P03359 |

【１３０８】

【表１－７７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGGGGG | 14,927 | SFV3L_P27401_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 14,928 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GGGGSSPAP | 14,929 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSGGSPAP | 14,930 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSGGGGGS | 14,931 | GALV_P21414_3mutA |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,932 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGGGGS | 14,933 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,934 | SFV1_P23074 |
| GGGEAAAKPAP | 14,935 | FFV_O93209 |
| PAPGGGEAAAK | 14,936 | SFV1_P23074 |
| GGSGGGEAAAK | 14,937 | PERV_Q4VFZ2_3mutA_WS |
| GSSGGG | 14,938 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGSSGGS | 14,939 | FFV_O93209_2mut |
| GGGGG | 14,940 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGPAP | 14,941 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGSEAAAK | 14,942 | FFV_O93209 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 14,943 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGGEAAAK | 14,944 | SFV1_P23074_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 14,945 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 14,946 | FLV_P10273 |
| GGGGSGGGGS | 14,947 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GSSEAAAKPAP | 14,948 | SFV3L_P27401 |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,949 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSEAAAK | 14,950 | MLVF5_P26810_3mut |
| EAAAKGGSGGG | 14,951 | SFV3L_P27401 |
| GGGPAPGGS | 14,952 | SFV3L_P27401 |
| GSSEAAAKGGS | 14,953 | FOAMV_P14350_2mutA |
| EAAAKGGSGGG | 14,954 | HTL1L_P0C211 |
| GSSGGSPAP | 14,955 | SFV3L_P27401_2mutA |
| PAPAP | 14,956 | FFV_O93209 |
| PAPGGSGSS | 14,957 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKGGGGGS | 14,958 | FOAMV_P14350_2mut |
| PAPEAAAKGGS | 14,959 | SFV3L_P27401_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 14,960 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGS | 14,961 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| GSSEAAAKGGG | 14,962 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| EAAAK | 14,963 | HTL1L_P0C211 |
| GSSPAP | 14,964 | MLVMS_P03355 |
| EAAAKPAPGGG | 14,965 | FFV_O93209-Pro_2mut |

【１３０９】

【表１－７８】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGGGSEAAAKGGGGS | 14,966 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| EAAAKGSSGGS | 14,967 | SFV3L_P27401 |
| GSAGSAAGSGEF | 14,968 | FFV_O93209_2mutA |
| PAPEAAAKGGS | 14,969 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,970 | MMTVB_P03365 |
| GGS | | MMTVB_P03365 |
| GGSEAAAKPAP | 14,972 | SFV1_P23074 |
| EAAAKGSSGGG | 14,973 | HTLV2_P03363_2mut |
| GGSEAAAKGGG | 14,974 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGGS | 14,975 | FFV_O93209-Pro |
| GSSEAAAKGGS | 14,976 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAPAPAPAP | 14,977 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGSEAAAKGGG | 14,978 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| PAPAPAPAP | 14,979 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 14,980 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGGSEAAAK | 14,981 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| GGSGGGPAP | 14,982 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 14,983 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKPAP | 14,984 | SFV1_P23074-Pro |
| GGGEAAAKGSS | 14,985 | SFV3L_P27401_2mutA |
| GGGPAPGGS | 14,986 | AVIRE_P03360 |
| PAPGGG | 14,987 | MLVRD_P11227 |
| GGSEAAAKGSS | 14,988 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,989 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGEAAAKGSS | 14,990 | SFV1_P23074-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,991 | MLVAV_P03356 |
| EAAAKGGGPAP | 14,992 | JSRV_P31623_2mutB |
| EAAAKGGGGSS | 14,993 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 14,994 | SRV2_P51517 |
| GSSGGGGGS | 14,995 | FFV_O93209 |
| PAPAPAP | 14,996 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGSGGSGGSGGS | 14,997 | FOAMV_P14350 |
| GGGEAAAK | 14,998 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGS | 14,999 | SFV1_P23074_2mutA |
| GGSGGS | 15,000 | WMSV_P03359_3mut |
| EAAAKGGS | 15,001 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSS | 15,002 | BLVJ_P03361_2mut |
| PAPAP | 15,003 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| PAPGGG | 15,004 | SMRVH_P03364 |

【１３１０】

【表１－７９】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| EAAAKGGGGSS | 15,005 | SFV3L_P27401 |
| PAPAPAPAPAP | 15,006 | MMTVB_P03365 |
| GGGPAP | 15,007 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,008 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGPAP | 15,009 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GSSGSSGSSGSS | 15,010 | SFV1_P23074 |
| GGGGSGGGGS | 15,011 | SFV3L_P27401 |
| GSSGGSGGG | 15,012 | MLVF5_P26810 |
| GGGEAAAKPAP | 15,013 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPEAAAK | 15,014 | HTLV2_P03363_2mut |
| GSSGSSGSSGSS | 15,015 | FOAMV_P14350_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 15,016 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPEAAAKGGG | 15,017 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGSEAAAKGSS | 15,018 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAPGGS | 15,019 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSGGSEAAAK | 15,020 | MLVF5_P26810_3mutA |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,021 | MLVF5_P26810_3mut |
| EAAAKGGGGSS | 15,022 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGSGSS | 15,023 | HTL1A_P03362_2mutB |
| PAPAP | 15,024 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGGGSPAP | 15,025 | HTL1C_P14078_2mut |
| GGGPAP | 15,026 | HTLV2_P03363_2mut |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,027 | SFVCP_Q87040 |
| GGSEAAAKGGG | 15,028 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| GSSPAPGGS | 15,029 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GGGGGGG | 15,030 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGSS | 15,031 | SFV3L_P27401_2mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,032 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,033 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGGSS | 15,034 | MMTVB_P03365 |
| GGGEAAAKGGS | 15,035 | SFV1_P23074 |
| PAPEAAAKGGG | 15,036 | MLVF5_P26810 |
| GGGGSSGGS | 15,037 | MMTVB_P03365 |
| GGSGSS | 15,038 | MMTVB_P03365 |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,039 | KORV_Q9TTC1 |
| EAAAKGGG | 15,040 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,041 | SRV2_P51517 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,042 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| GGGGSS | 15,043 | FOAMV_P14350_2mut |

【１３１１】

【表１－８０】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPGGGEAAAK | 15,044 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGGGEAAAK | 15,045 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAP | 15,046 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGEAAAKGGS | 15,047 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGEAAAKGSS | 15,048 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GSSPAPEAAAK | 15,049 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,050 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| PAPGGG | 15,051 | SFV3L_P27401 |
| GSSEAAAKGGG | 15,052 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSSEAAAK | 15,053 | FOAMV_P14350_2mut |
| PAPGSSGGS | 15,054 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,055 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGSSGGG | 15,056 | MMTVB_P03365 |
| PAPGGGGSS | 15,057 | WDSV_O92815_2mutA |
| GGSPAP | 15,058 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 15,059 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| PAPAPAPAP | 15,060 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGG | 15,061 | HTL1A_P03362 |
| GGSGGSGGSGGS | 15,062 | SFV1_P23074_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,063 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPGGSEAAAK | 15,064 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| PAPAPAPAP | 15,065 | SFV1_P23074_2mut |
| PAPGGGGSS | 15,066 | MMTVB_P03365 |
| GGSGSS | 15,067 | SFV3L_P27401_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,068 | MMTVB_P03365_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 15,069 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGGGGSS | 15,070 | SFVCP_Q87040-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGGGS | 15,071 | MLVAV_P03356 |
| GGGGGS | 15,072 | FOAMV_P14350_2mut |
| GGGEAAAKGGS | 15,073 | FFV_O93209-Pro_2mutA |
| EAAAKPAPGGG | 15,074 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GGSGGGPAP | 15,075 | FFV_O93209_2mut |
| GSSEAAAKPAP | 15,076 | MMTVB_P03365 |
| PAPAPAPAPAP | 15,077 | SFV1_P23074_2mut |
| GGSPAPGGG | 15,078 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGGEAAAK | 15,079 | MMTVB_P03365 |
| PAPAP | 15,080 | SFVCP_Q87040 |
| GSSEAAAK | 15,081 | SFVCP_Q87040 |
| GGGGSGGGGSGGGGS | 15,082 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１２】

【表１－８１】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSGSSGSS | 15,083 | SFV3L_P27401 |
| EAAAKGGSGGG | 15,084 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSPAP | 15,085 | SFV1_P23074_2mut |
| GGGEAAAK | 15,086 | SFV1_P23074-Pro |
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,087 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGS | 15,088 | HTL1C_P14078_2mut |
| PAPGSSGGS | 15,089 | SFV1_P23074_2mut |
| PAPEAAAK | 15,090 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPAP | 15,091 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGS | 15,092 | HTL1A_P03362_2mut |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,093 | HTL1C_P14078 |
| EAAAKGSSGGS | 15,094 | FOAMV_P14350-Pro |
| PAPGGSGSS | 15,095 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGSEAAAK | 15,096 | SFV1_P23074_2mut |
| PAPGSSEAAAK | 15,097 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| PAPGSSGGG | 15,098 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| GSSGGGEAAAK | 15,099 | AVIRE_P03360 |
| GGGGGG | 15,100 | SMRVH_P03364_2mut |
| PAPEAAAKGGG | 15,101 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGEAAAKGGS | 15,102 | SFVCP_Q87040_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 15,103 | SRV2_P51517 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,104 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGPAP | 15,105 | MLVAV_P03356 |
| PAPAPAPAPAP | 15,106 | FOAMV_P14350-Pro_2mutA |
| PAPGGSEAAAK | 15,107 | FOAMV_P14350 |
| GSSGGGPAP | 15,108 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGGGGSPAP | 15,109 | HTL3P_Q4U0X6_2mutB |
| GSSGGSGGG | 15,110 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAP | 15,111 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GSSGGGPAP | 15,112 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGSS | 15,113 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,114 | SFV1_P23074-Pro_2mut |
| EAAAKGGSGGG | 15,115 | SFV3L_P27401_2mut |
| GGGGSSEAAAK | 15,116 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGSGSS | 15,117 | MMTVB_P03365_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,118 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,119 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGGGEAAAK | 15,120 | SFV1_P23074-Pro |
| PAPEAAAKGGG | 15,121 | MMTVB_P03365 |

【１３１３】

【表１－８２】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,122 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGSEAAAK | 15,123 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| GGSPAP | 15,124 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| GSSEAAAK | 15,125 | FOAMV_P14350 |
| GSSEAAAK | 15,126 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGSSGGS | 15,127 | HTL1A_P03362_2mut |
| GGGEAAAKPAP | 15,128 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| EAAAKGGSPAP | 15,129 | FOAMV_P14350 |
| GSSEAAAKPAP | 15,130 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGSSGSS | 15,131 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,132 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAK | 15,133 | MMTVB_P03365 |
| PAPGSS | 15,134 | BAEVM_P10272 |
| PAPGGS | 15,135 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGSGGS | 15,136 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 15,137 | HTLV2_P03363_2mut |
| GGSGGGEAAAK | 15,138 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGSSGGG | 15,139 | HTL1A_P03362 |
| GGSGGS | 15,140 | SFV3L_P27401-Pro |
| GSSGSS | 15,141 | SFV1_P23074-Pro |
| PAPGGSEAAAK | 15,142 | MMTVB_P03365 |
| GSAGSAAGSGEF | 15,143 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGG | 15,144 | FOAMV_P14350_2mut |
| EAAAKGGSGSS | 15,145 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGGGEAAAK | 15,146 | SFV3L_P27401-Pro |
| GGSGGGPAP | 15,147 | FOAMV_P14350-Pro_2mut |
| PAPAPAPAPAPAP | 15,148 | WDSV_O92815 |
| SGSETPGTSESATPES | 15,149 | SFVCP_Q87040-Pro_2mutA |
| GGSGGSGGS | 15,150 | SFV1_P23074 |
| GGGGSS | 15,151 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GGGGGSEAAAK | 15,152 | MMTVB_P03365 |
| SGSETPGTSESATPES | 15,153 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPAPAP | 15,154 | SFV3L_P27401 |
| PAPEAAAKGSS | 15,155 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,156 | SRV2_P51517 |
| GGGPAPGSS | 15,157 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGSGGGGSS | 15,158 | MMTVB_P03365-Pro |
| SGSETPGTSESATPES | 15,159 | SRV2_P51517 |
| EAAAKGSSGGS | 15,160 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１４】

【表１－８３】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSSPAPEAAAK | 15,161 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSPAPEAAAK | 15,162 | SRV2_P51517 |
| GGGGSSPAP | 15,163 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGGEAAAK | 15,164 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| PAPEAAAKGGS | 15,165 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,166 | FOAMV_P14350-Pro |
| GGSPAPGSS | 15,167 | SFV3L_P27401 |
| GGGPAPGGS | 15,168 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGPAPGSS | 15,169 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAP | 15,170 | MLVBM_Q7SVK7 |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 15,171 | HTL1C_P14078 |
| GSSGGSEAAAK | 15,172 | SRV2_P51517 |
| PAPGGGGGS | 15,173 | SRV2_P51517 |
| GGGEAAAK | 15,174 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| EAAAKGGGPAP | 15,175 | HTL32_Q0R5R2 |
| GGSGSSGGG | 15,176 | MMTVB_P03365 |
| PAPEAAAKGSS | 15,177 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGGGGGS | 15,178 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGGGGS | 15,179 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGGS | 15,180 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,181 | HTL1C_P14078 |
| EAAAKGGSPAP | 15,182 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSSPAP | 15,183 | FFV_O93209-Pro_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,184 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGS | 15,185 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGGS | 15,186 | SRV2_P51517 |
| GGSGSSGGG | 15,187 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGSEAAAK | 15,188 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,189 | GALV_P21414 |
| GGSEAAAKGGG | 15,190 | MMTVB_P03365-Pro |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 15,191 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSEAAAKGGS | 15,192 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,193 | HTL3P_Q4U0X6_2mutB |
| GGGEAAAK | 15,194 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAPAPAP | 15,195 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGG | 15,196 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,197 | GALV_P21414 |
| GGSPAP | 15,198 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,199 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１５】

【表１－８４】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| PAPEAAAK | 15,200 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGG | 15,201 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGGGSEAAAK | 15,202 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| PAPAPAPAPAP | 15,203 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGSGSS | 15,204 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,205 | MLVRD_P11227_3mut |
| PAPAPAPAP | 15,206 | FOAMV_P14350_2mutA |
| GGGPAPGSS | 15,207 | SFVCP_Q87040_2mut |
| PAPEAAAKGSS | 15,208 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GGSPAPGGG | 15,209 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,210 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGS | 15,211 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| PAPGSSGGS | 15,212 | MMTVB_P03365_WS |
| GGGGSGGGGS | 15,213 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGS | 15,214 | FOAMV_P14350 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,215 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 15,216 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| PAPGGGEAAAK | 15,217 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GSSGSS | 15,218 | JSRV_P31623_2mutB |
| EAAAKGGGGGS | 15,219 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSPAPEAAAK | 15,220 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGEAAAK | 15,221 | HTL1C_P14078 |
| PAPEAAAKGSS | 15,222 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGGGSSEAAAK | 15,223 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPGSSGGS | 15,224 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKGGGGGS | 15,225 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,226 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGGSS | 15,227 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGGEAAAKGGS | 15,228 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GGGGGSPAP | 15,229 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| GGSGGGEAAAK | 15,230 | SFV3L_P27401-Pro |
| PAPGGGGGS | 15,231 | SFV3L_P27401-Pro |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 15,232 | MMTVB_P03365 |
| PAPEAAAKGSS | 15,233 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKGGG | 15,234 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 15,235 | SMRVH_P03364_2mutB |
| GGSGGSGGSGGSGGS | 15,236 | HTL1L_P0C211_2mut |
| GGGGGG | 15,237 | WDSV_O92815 |
| GGGGGSGSS | 15,238 | MMTVB_P03365-Pro |

【１３１６】

【表１－８５】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GGSEAAAKPAP | 15,239 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| GGGPAPGSS | 15,240 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGGGS | 15,241 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSPAPEAAAK | 15,242 | MMTVB_P03365 |
| PAPEAAAKGGS | 15,243 | HTL1A_P03362 |
| EAAAKGGSGSS | 15,244 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGPAPEAAAK | 15,245 | SFV3L_P27401-Pro_2mut |
| PAPGGGGSS | 15,246 | HTL32_Q0R5R2_2mut |
| GSSPAPGGG | 15,247 | HTL3P_Q4U0X6_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,248 | BLVAU_P25059_2mut |
| EAAAKGGGGGS | 15,249 | HTL1L_P0C211 |
| GGSEAAAKGSS | 15,250 | JSRV_P31623_2mutB |
| GSSGGG | 15,251 | JSRV_P31623 |
| GGSGGSGGSGGS | 15,252 | MMTVB_P03365-Pro |
| EAAAKPAP | 15,253 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGGSSGGS | 15,254 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGGS | 15,255 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKGGGGGS | 15,256 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 15,257 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGSGGS | 15,258 | MMTVB_P03365 |
| GGGGGSEAAAK | 15,259 | MLVBM_Q7SVK7 |
| GGSGSSPAP | 15,260 | MMTVB_P03365_WS |
| EAAAKEAAAKEAAAK | 15,261 | JSRV_P31623 |
| PAPEAAAKGGS | 15,262 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSGSSEAAAK | 15,263 | FOAMV_P14350 |
| GGGGGSGSS | 15,264 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GGGPAPGGS | 15,265 | MMTVB_P03365 |
| SGSETPGTSESATPES | 15,266 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GSSPAPGGS | 15,267 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,268 | MMTVB_P03365 |
| EAAAKGGGPAP | 15,269 | MMTVB_P03365 |
| GSSGGG | 15,270 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGEAAAKPAP | 15,271 | MMTVB_P03365 |
| PAPGGSGGG | 15,272 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,273 | WDSV_O92815_2mut |
| GGSGGG | 15,274 | HTL32_Q0R5R2_2mut |
| EAAAKGGSPAP | 15,275 | HTLV2_P03363_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,276 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSEAAAK | 15,277 | MMTVB_P03365_2mut |

【１３１７】

【表１－８６】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| GSAGSAAGSGEF | 15,278 | MMTVB_P03365_WS |
| PAPGGSGSS | 15,279 | FFV_O93209 |
| GGSEAAAKGGG | 15,280 | MMTVB_P03365 |
| GGSPAPGSS | 15,281 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,282 | SFV3L_P27401 |
| PAPEAAAKGGG | 15,283 | HTL1A_P03362_2mutB |
| GGGEAAAKPAP | 15,284 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAK | 15,285 | HTL32_Q0R5R2_2mutB |
| GGGEAAAKGSS | 15,286 | MPMV_P07572 |
| GGGGGSEAAAK | 15,287 | MMTVB_P03365-Pro |
| PAPAPAPAPAP | 15,288 | SFVCP_Q87040-Pro_2mutA |
| PAPAPAPAPAP | 15,289 | HTL1L_P0C211_2mut |
| GGGGSSGGS | 15,290 | HTL3P_Q4U0X6 |
| PAPGGSEAAAK | 15,291 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| PAPAPAPAPAP | 15,292 | HTL1A_P03362 |
| EAAAKPAPGGG | 15,293 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGSEAAAK | 15,294 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GGGEAAAKGSS | 15,295 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGSPAPGSS | 15,296 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKPAP | 15,297 | MLVBM_Q7SVK7 |
| PAPEAAAKGGG | 15,298 | MMTVB_P03365_2mut_WS |
| GSSEAAAKPAP | 15,299 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,300 | MMTVB_P03365-Pro_2mut |
| GSSEAAAKGGS | 15,301 | MMTVB_P03365-Pro_2mutB |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,302 | SRV2_P51517_2mutB |
| GGGGGSPAP | 15,303 | HTL1L_P0C211_2mut |
| GGSEAAAK | 15,304 | MMTVB_P03365 |
| GSSPAPEAAAK | 15,305 | SMRVH_P03364_2mutB |
| GGGPAPGGS | 15,306 | HTL1C_P14078_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,307 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSEAAAKPAP | 15,308 | HTL1A_P03362_2mut |
| PAPAPAPAP | 15,309 | HTLV2_P03363_2mut |
| GSSPAPGGG | 15,310 | MMTVB_P03365 |
| GSSGSSGSSGSS | 15,311 | MMTVB_P03365-Pro |
| GGSEAAAKGSS | 15,312 | MMTVB_P03365_WS |
| GGSGSSGGG | 15,313 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 15,314 | JSRV_P31623_2mutB |
| GGSEAAAKPAP | 15,315 | MMTVB_P03365-Pro |
| GSSGGSGGG | 15,316 | HTLV2_P03363_2mut |

【１３１８】

【表１－８７】

| リンカーアミノ酸配列 | リンカーの配列番号 | RTドメイン名 |
|---|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 15,317 | WDSV_O92815_2mut |
| GGSPAPEAAAK | 15,318 | MMTVB_P03365 |
| GGGGSSEAAAK | 15,319 | MMTVB_P03365 |
| GGSGGGEAAAK | 15,320 | SFV1_P23074-Pro_2mutA |
| GGGGSEAAAKGGGGS | 15,321 | WDSV_O92815_2mut |
| GGSGSSEAAAK | 15,322 | MMTVB_P03365_2mutB_WS |
| GGSEAAAKPAP | 15,323 | MMTVB_P03365_WS |
| GSSGGGEAAAK | 15,324 | SFVCP_Q87040-Pro |
| GSSGGS | 15,325 | SFVCP_Q87040-Pro_2mut |
| GGSEAAAKPAP | 15,326 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GSSGGSEAAAK | 15,327 | SFVCP_Q87040_2mut |
| GSSPAPEAAAK | 15,328 | SRV2_P51517_2mutB |
| GGSGGSGGSGGSGGSGGS | 15,329 | BLVAU_P25059 |
| GSSGSSGSSGSSGSS | 15,330 | HTL1C_P14078_2mut |
| EAAAKGGGGSS | 15,331 | MMTVB_P03365_2mutB |
| GGGEAAAKGSS | 15,332 | SFVCP_Q87040-Pro |

【１３１９】

実施例３：ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞における遺伝子組換えポリペプチドのプールスクリーニングの配列決定分析

この実施例は、ゲノムＤＮＡを編集することが可能ないくつかの種類の遺伝子組換えポリペプチドの同定及び特性決定を説明する。

【１３２０】

ゲノムＤＮＡを、実施例２におけるソート及び非ソート細胞集団のプールから抽出し、実施例１に記載されるように分析した。具体的には、ＤＮＡライブラリーを、候補遺伝子組換えポリペプチド配列のＰＣＲ増幅によって作製した。ライブラリーを、Ｌｉｇａｔｉｏｎ ＳＱＫ－ＬＳＫ１１０によるＯｘｆｏｒｄ Ｎａｎｏｐｏｒｅ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ ｓｅｑｕｅｎｃｅｒ ｐｒｏｔｏｃｏｌ Ａｍｐｌｉｃｏｎｓを用いたロングリード配列決定を用いて配列決定した。未加工シーケンシングリードを、ＭｉｎＫＮＯＷ（Ｏｘｆｏｒｄ Ｎａｎｏｐｏｒｅ Ｔｅｃｈｎｏｌｏｇｉｅｓ）を用いて処理して、ベースコーリング及び標準的な品質フィルタリングを行った。次に、フィルタリングされたシーケンシングリードを、全ての可能なライブラリー候補のための完全長ＤＮＡ配列からなる参照に対してマッピングした。マッピングの後、データを更に処理して、マッピング信頼性を向上させるために、最小及び最大長さ、過剰な切断、キメラ現象、及び最小の配列同一性についての要件を満たさないリードを除去した。次に、生存データを、配列決定深度について調整するために百万当たりのカウントに対して正規化した。非ソート集団からの正規化されたカウントを、各候補についての富化の倍率変化を計算するためのそれらのそれぞれのソート集団についてのベースラインとして使用した。最後に、倍率変化値を、$\log_2$換算し、Ｚスコアを正規化した。

【１３２１】

いくつかのリンカーと共に、高い編集活性を有するＭＬＶＭＳ ＲＴを含む遺伝子組換えポリペプチドをコードするレンチウイルスプールに感染させた細胞を、陽性対照として使用し、低い編集活性を有するＭＭＴＶＢ ＲＴを含む遺伝子組換えポリペプチドをコードするレンチウイルスプールに感染させた細胞を、陰性対照として使用して、配列決定分析が公知の編集アッセイ結果と一致することを確認した（図４Ａ～４Ｃ）。結果は、アッセイが、高活性ＲＴ及び低活性ＲＴを含む遺伝子組換えポリペプチドを区別したことを示した（図４Ａ～４Ｂ）。結果は、選択された陽性対照ＲＴ及び陰性対照ＲＴに関連する活性傾向が、例えば、試験される複数のリンカーにわたるＭＬＶＭＳ ＲＴ配列のそれぞれ及びＭＭＴＶＢ ＲＴ配列のそれぞれについて、試験される所与のＲＴファミリーの全てのメンバーにわたって一致することを更に示した（図４Ｃ）。これらのデータは、ＲＴド

メインの同一性が、遺伝子組換えポリペプチドの編集活性の決定における重要な役割を果たすことを示す。

【１３２２】

試験される遺伝子組換えライブラリー候補のゲノム編集能力を、２つの異なる鋳型及び２つの異なる細胞株を用いた４つの条件：ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での鋳型ｇ４（条件１）、Ｕ２ＯＳ細胞内での鋳型ｇ４（条件２）、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での鋳型ｇ１０（条件３）、及びＵ２ＯＳ細胞内での鋳型ｇ１０（条件４）にわたって評価した。ゲノム編集活性を、バイオリン図においてｌｏｇ２（倍率変化ＣＰＭ）としてプロットし、候補についてのデータを、ＲＴファミリーによってソートした（図５Ａ～５Ｄ）。結果は、アッセイにおいて試験される１７の異なるレトロウイルスＲＴファミリーからのＲＴ配列と対合されたリンカーを含む遺伝子組換え候補についての編集活性を示した：ＡＶＩＲＥ、ＢＡＥＶＭ、ＦＦＶ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６。対照的に、試験される他のＲＴファミリーからのＲＴ配列を有する遺伝子組換え候補は、編集活性が欠如しているか、又はより低いレベルの編集活性を有していた。回帰分析は、遺伝子組換えポリペプチド候補の編集活性が、ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ条件間で（図６）並びに鋳型ｇ４及びｇ１０間で（図７）相関性があったことを示した。全ての候補遺伝子組換えポリペプチドの全体的な活性傾向は、編集活性が、試験される４つの条件間で一致したままであることを示し、これは、遺伝子組換えポリペプチド編集活性が、異なる細胞型及び鋳型間で移行し得ることを示唆している。

【１３２３】

試験される４つの条件からのデータを分析して、ゲノム編集活性の一貫した及びロバストな証拠を示す遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを選択した。すなわち、選択される候補は、ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞内での鋳型ｇ４条件（それぞれ条件１及び２）及びＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ１０条件（条件３）の１つ又は複数において１以上の富化Ｚスコアを示すことが求められた。Ｕ２ＯＳ細胞内での試験鋳型ｇ１０条件（条件４）からのデータは、初期分析から省略された。例示的な選択分析が、図１４においてグラフで示され、これは、試験鋳型ｇ４についての両方の細胞型及びＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ１０についてのＨＥＫ２９３Ｔ細胞にわたって高いゲノム編集活性を示す遺伝子組換え候補を示す。

【１３２４】

ライブラリー内の約３１８０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、条件１、２、又は３のいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、スクリーニングアッセイの少なくとも１つの条件において編集活性を有していたことを示す（図１４、淡色及び暗色のドット）。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ１に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３２５】

【表Ｄ１－１】

表D1. 条件1、2、又は3のいずれか1つにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 255 | 631 | 964 | 1208 | 1551 | 1803 | 2028 | 2324 | 2563 | 2781 | 3001 | 4524 | 6434 | 6879 | 7296 |
| 2 | 256 | 636 | 965 | 1209 | 1552 | 1804 | 2029 | 2325 | 2564 | 2782 | 3002 | 4525 | 6439 | 6881 | 7298 |
| 3 | 257 | 645 | 966 | 1210 | 1553 | 1805 | 2030 | 2326 | 2565 | 2783 | 3003 | 4526 | 6442 | 6882 | 7299 |
| 4 | 258 | 647 | 967 | 1211 | 1555 | 1806 | 2031 | 2327 | 2566 | 2784 | 3005 | 4527 | 6443 | 6883 | 7301 |
| 5 | 259 | 648 | 968 | 1212 | 1556 | 1808 | 2033 | 2328 | 2567 | 2785 | 3007 | 4528 | 6444 | 6884 | 7302 |
| 6 | 261 | 649 | 969 | 1213 | 1557 | 1809 | 2034 | 2329 | 2568 | 2786 | 3008 | 4529 | 6445 | 6885 | 7305 |
| 7 | 262 | 650 | 970 | 1214 | 1558 | 1810 | 2035 | 2330 | 2569 | 2787 | 3009 | 4530 | 6449 | 6886 | 7306 |
| 9 | 263 | 651 | 971 | 1215 | 1559 | 1811 | 2037 | 2331 | 2570 | 2788 | 3010 | 4531 | 6453 | 6887 | 7307 |
| 10 | 264 | 652 | 972 | 1216 | 1561 | 1813 | 2038 | 2332 | 2571 | 2789 | 3011 | 4532 | 6454 | 6890 | 7311 |
| 13 | 265 | 653 | 973 | 1217 | 1563 | 1816 | 2039 | 2333 | 2572 | 2790 | 3012 | 4533 | 6457 | 6891 | 7312 |
| 14 | 268 | 656 | 974 | 1218 | 1564 | 1817 | 2041 | 2334 | 2573 | 2791 | 3014 | 4534 | 6458 | 6896 | 7313 |
| 17 | 269 | 657 | 975 | 1219 | 1565 | 1818 | 2042 | 2335 | 2574 | 2792 | 3015 | 4535 | 6462 | 6897 | 7314 |
| 19 | 270 | 659 | 976 | 1220 | 1566 | 1819 | 2045 | 2336 | 2575 | 2793 | 3016 | 4536 | 6465 | 6898 | 7317 |
| 22 | 271 | 661 | 977 | 1221 | 1567 | 1824 | 2048 | 2337 | 2576 | 2794 | 3017 | 4537 | 6478 | 6901 | 7320 |
| 33 | 273 | 662 | 978 | 1222 | 1568 | 1825 | 2049 | 2338 | 2577 | 2795 | 3018 | 4538 | 6479 | 6902 | 7322 |
| 34 | 274 | 663 | 979 | 1223 | 1570 | 1827 | 2050 | 2339 | 2578 | 2796 | 3019 | 4539 | 6480 | 6904 | 7323 |
| 35 | 278 | 664 | 980 | 1224 | 1571 | 1828 | 2051 | 2340 | 2579 | 2797 | 3020 | 4540 | 6486 | 6905 | 7326 |
| 36 | 279 | 667 | 981 | 1225 | 1572 | 1829 | 2052 | 2341 | 2580 | 2798 | 3021 | 4541 | 6488 | 6907 | 7328 |
| 37 | 280 | 668 | 982 | 1226 | 1573 | 1831 | 2053 | 2342 | 2581 | 2799 | 3022 | 6001 | 6491 | 6908 | 7329 |
| 38 | 281 | 670 | 983 | 1227 | 1574 | 1834 | 2054 | 2343 | 2582 | 2800 | 3025 | 6004 | 6492 | 6910 | 7335 |
| 39 | 283 | 677 | 984 | 1228 | 1576 | 1838 | 2055 | 2344 | 2583 | 2801 | 3026 | 6007 | 6495 | 6911 | 7336 |
| 40 | 285 | 679 | 985 | 1229 | 1577 | 1840 | 2056 | 2345 | 2584 | 2802 | 3027 | 6008 | 6497 | 6915 | 7339 |
| 41 | 290 | 687 | 986 | 1230 | 1578 | 1842 | 2057 | 2346 | 2585 | 2803 | 3028 | 6012 | 6499 | 6917 | 7342 |
| 42 | 293 | 689 | 987 | 1231 | 1579 | 1843 | 2058 | 2347 | 2586 | 2804 | 3030 | 6013 | 6501 | 6919 | 7343 |
| 43 | 294 | 690 | 988 | 1232 | 1580 | 1844 | 2060 | 2348 | 2587 | 2805 | 3031 | 6014 | 6502 | 6923 | 7345 |
| 44 | 295 | 694 | 989 | 1233 | 1581 | 1845 | 2061 | 2349 | 2588 | 2806 | 3033 | 6015 | 6503 | 6925 | 7346 |
| 45 | 298 | 700 | 990 | 1234 | 1582 | 1846 | 2062 | 2350 | 2589 | 2807 | 3034 | 6021 | 6505 | 6928 | 7347 |
| 46 | 300 | 707 | 991 | 1235 | 1583 | 1847 | 2069 | 2351 | 2590 | 2808 | 3035 | 6022 | 6511 | 6930 | 7349 |

【１３２６】

【表Ｄ１－２】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 47 | 302 | 711 | 992 | 1236 | 1585 | 1848 | 2070 | 2352 | 2591 | 2809 | 3036 | 6023 | 6512 | 6932 | 7350 |
| 48 | 303 | 715 | 993 | 1237 | 1588 | 1849 | 2071 | 2353 | 2592 | 2810 | 3037 | 6024 | 6515 | 6933 | 7352 |
| 49 | 304 | 716 | 994 | 1238 | 1590 | 1850 | 2074 | 2354 | 2593 | 2811 | 3038 | 6025 | 6520 | 6942 | 7357 |
| 50 | 305 | 717 | 996 | 1239 | 1593 | 1851 | 2075 | 2355 | 2594 | 2812 | 3039 | 6026 | 6524 | 6943 | 7358 |
| 51 | 306 | 720 | 997 | 1240 | 1594 | 1852 | 2076 | 2356 | 2595 | 2813 | 3040 | 6028 | 6525 | 6951 | 7360 |
| 52 | 308 | 726 | 999 | 1241 | 1597 | 1853 | 2081 | 2357 | 2596 | 2814 | 3041 | 6029 | 6527 | 6952 | 7361 |
| 53 | 309 | 727 | 1000 | 1242 | 1598 | 1855 | 2082 | 2358 | 2597 | 2815 | 3042 | 6030 | 6529 | 6963 | 7362 |
| 54 | 310 | 728 | 1002 | 1243 | 1600 | 1856 | 2084 | 2359 | 2598 | 2816 | 3043 | 6031 | 6530 | 6966 | 7364 |
| 55 | 311 | 729 | 1003 | 1245 | 1604 | 1857 | 2086 | 2360 | 2599 | 2817 | 3044 | 6036 | 6531 | 6968 | 7368 |
| 56 | 312 | 731 | 1004 | 1246 | 1605 | 1858 | 2089 | 2361 | 2600 | 2818 | 3045 | 6043 | 6532 | 6969 | 7369 |
| 57 | 313 | 738 | 1005 | 1247 | 1606 | 1859 | 2090 | 2362 | 2601 | 2819 | 3046 | 6045 | 6533 | 6972 | 7370 |
| 58 | 315 | 739 | 1006 | 1248 | 1607 | 1860 | 2091 | 2363 | 2603 | 2820 | 3047 | 6048 | 6535 | 6978 | 7371 |
| 59 | 316 | 745 | 1007 | 1250 | 1608 | 1861 | 2092 | 2364 | 2604 | 2821 | 3048 | 6051 | 6540 | 6980 | 7372 |
| 60 | 317 | 765 | 1008 | 1251 | 1610 | 1862 | 2093 | 2365 | 2605 | 2822 | 3049 | 6054 | 6542 | 6982 | 7374 |
| 61 | 318 | 766 | 1009 | 1252 | 1611 | 1863 | 2094 | 2366 | 2606 | 2823 | 3050 | 6056 | 6549 | 6984 | 7377 |
| 62 | 319 | 767 | 1010 | 1253 | 1612 | 1864 | 2095 | 2367 | 2608 | 2824 | 3051 | 6057 | 6551 | 6990 | 7378 |
| 63 | 320 | 768 | 1011 | 1254 | 1616 | 1865 | 2096 | 2368 | 2610 | 2825 | 3052 | 6058 | 6552 | 6993 | 7381 |
| 64 | 321 | 769 | 1012 | 1255 | 1617 | 1866 | 2103 | 2369 | 2611 | 2826 | 3053 | 6059 | 6555 | 6998 | 7383 |
| 65 | 322 | 770 | 1013 | 1256 | 1618 | 1867 | 2104 | 2370 | 2612 | 2827 | 3054 | 6061 | 6558 | 6999 | 7384 |
| 66 | 323 | 771 | 1014 | 1257 | 1619 | 1868 | 2105 | 2371 | 2613 | 2828 | 3055 | 6063 | 6559 | 7001 | 7387 |
| 67 | 324 | 772 | 1015 | 1258 | 1620 | 1869 | 2108 | 2372 | 2614 | 2829 | 3056 | 6067 | 6561 | 7006 | 7388 |
| 68 | 325 | 773 | 1016 | 1259 | 1621 | 1870 | 2111 | 2373 | 2615 | 2830 | 3057 | 6068 | 6563 | 7009 | 7389 |
| 69 | 327 | 774 | 1017 | 1261 | 1622 | 1871 | 2112 | 2374 | 2616 | 2831 | 3058 | 6071 | 6565 | 7013 | 7393 |
| 70 | 328 | 775 | 1018 | 1262 | 1623 | 1872 | 2113 | 2375 | 2617 | 2832 | 3059 | 6072 | 6567 | 7015 | 7394 |
| 72 | 329 | 776 | 1019 | 1263 | 1625 | 1873 | 2114 | 2376 | 2618 | 2833 | 3060 | 6073 | 6568 | 7023 | 7396 |
| 73 | 330 | 780 | 1020 | 1264 | 1626 | 1874 | 2115 | 2377 | 2619 | 2834 | 3061 | 6074 | 6572 | 7024 | 7397 |
| 74 | 331 | 782 | 1021 | 1265 | 1627 | 1875 | 2117 | 2378 | 2620 | 2835 | 3062 | 6079 | 6575 | 7025 | 7402 |
| 75 | 332 | 783 | 1022 | 1266 | 1628 | 1876 | 2121 | 2379 | 2621 | 2836 | 3063 | 6080 | 6577 | 7026 | 7403 |
| 76 | 333 | 784 | 1023 | 1267 | 1629 | 1877 | 2122 | 2380 | 2622 | 2837 | 3064 | 6084 | 6578 | 7027 | 7404 |
| 77 | 334 | 789 | 1024 | 1269 | 1630 | 1878 | 2123 | 2381 | 2623 | 2838 | 3065 | 6089 | 6579 | 7030 | 7412 |
| 78 | 335 | 797 | 1025 | 1270 | 1631 | 1879 | 2125 | 2382 | 2624 | 2839 | 3066 | 6091 | 6580 | 7031 | 7415 |
| 79 | 336 | 798 | 1026 | 1272 | 1632 | 1880 | 2126 | 2383 | 2625 | 2840 | 3067 | 6093 | 6581 | 7033 | 7416 |
| 80 | 337 | 799 | 1027 | 1274 | 1633 | 1881 | 2128 | 2384 | 2626 | 2841 | 3070 | 6094 | 6582 | 7034 | 7417 |
| 81 | 338 | 800 | 1028 | 1275 | 1634 | 1882 | 2130 | 2385 | 2627 | 2842 | 3071 | 6096 | 6583 | 7035 | 7418 |
| 83 | 339 | 801 | 1029 | 1278 | 1635 | 1883 | 2132 | 2386 | 2628 | 2843 | 3072 | 6099 | 6584 | 7036 | 7419 |
| 86 | 340 | 802 | 1030 | 1279 | 1636 | 1884 | 2136 | 2387 | 2629 | 2844 | 3073 | 6103 | 6585 | 7037 | 7430 |
| 87 | 341 | 803 | 1031 | 1280 | 1638 | 1885 | 2137 | 2388 | 2630 | 2845 | 3074 | 6106 | 6587 | 7038 | 7431 |
| 88 | 342 | 804 | 1032 | 1282 | 1639 | 1886 | 2138 | 2389 | 2631 | 2846 | 3075 | 6107 | 6591 | 7043 | 7433 |
| 89 | 343 | 805 | 1033 | 1288 | 1641 | 1887 | 2141 | 2390 | 2632 | 2847 | 3076 | 6108 | 6594 | 7045 | 7434 |
| 90 | 344 | 806 | 1034 | 1290 | 1642 | 1888 | 2143 | 2391 | 2633 | 2848 | 3077 | 6112 | 6595 | 7046 | 7435 |
| 92 | 345 | 807 | 1035 | 1295 | 1644 | 1889 | 2144 | 2392 | 2634 | 2849 | 3078 | 6115 | 6596 | 7047 | 7436 |

【１３２７】

【表Ｄ１－３】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 94 | 346 | 808 | 1036 | 1298 | 1645 | 1890 | 2145 | 2393 | 2635 | 2850 | 3079 | 6117 | 6598 | 7048 | 7441 |
| 96 | 348 | 809 | 1037 | 1299 | 1646 | 1891 | 2147 | 2394 | 2636 | 2851 | 3080 | 6121 | 6600 | 7051 | 7443 |
| 97 | 349 | 810 | 1038 | 1301 | 1647 | 1892 | 2148 | 2395 | 2637 | 2852 | 3081 | 6123 | 6601 | 7055 | 7444 |
| 98 | 350 | 811 | 1039 | 1302 | 1648 | 1893 | 2149 | 2396 | 2638 | 2853 | 3082 | 6130 | 6602 | 7056 | 7445 |
| 99 | 351 | 812 | 1040 | 1305 | 1649 | 1894 | 2150 | 2397 | 2639 | 2854 | 3083 | 6133 | 6603 | 7058 | 7448 |
| 100 | 352 | 813 | 1041 | 1308 | 1651 | 1895 | 2152 | 2398 | 2640 | 2855 | 3084 | 6136 | 6606 | 7060 | 7449 |
| 101 | 353 | 814 | 1042 | 1311 | 1653 | 1896 | 2153 | 2399 | 2641 | 2856 | 3085 | 6139 | 6607 | 7064 | 7450 |
| 102 | 354 | 815 | 1043 | 1312 | 1656 | 1897 | 2154 | 2400 | 2642 | 2857 | 3086 | 6142 | 6608 | 7065 | 7453 |
| 103 | 355 | 816 | 1044 | 1314 | 1657 | 1898 | 2155 | 2401 | 2643 | 2858 | 3087 | 6144 | 6610 | 7067 | 7455 |
| 104 | 356 | 817 | 1045 | 1315 | 1658 | 1899 | 2156 | 2402 | 2644 | 2859 | 3088 | 6147 | 6611 | 7068 | 7458 |
| 105 | 357 | 818 | 1046 | 1320 | 1659 | 1900 | 2158 | 2403 | 2645 | 2860 | 3089 | 6148 | 6612 | 7070 | 7461 |
| 106 | 359 | 819 | 1047 | 1322 | 1661 | 1901 | 2159 | 2404 | 2646 | 2861 | 3090 | 6150 | 6615 | 7071 | 7466 |
| 107 | 360 | 820 | 1048 | 1324 | 1662 | 1902 | 2161 | 2405 | 2647 | 2862 | 3091 | 6151 | 6616 | 7072 | 7469 |
| 108 | 361 | 821 | 1049 | 1326 | 1663 | 1903 | 2162 | 2406 | 2648 | 2865 | 3092 | 6152 | 6617 | 7074 | 7471 |
| 110 | 362 | 822 | 1050 | 1327 | 1664 | 1905 | 2163 | 2407 | 2649 | 2866 | 3093 | 6155 | 6621 | 7075 | 7472 |
| 112 | 363 | 824 | 1051 | 1328 | 1665 | 1906 | 2164 | 2408 | 2650 | 2867 | 3094 | 6163 | 6622 | 7077 | 7473 |
| 113 | 364 | 825 | 1052 | 1338 | 1666 | 1907 | 2165 | 2409 | 2651 | 2868 | 3096 | 6165 | 6624 | 7078 | 7474 |
| 114 | 365 | 826 | 1053 | 1340 | 1667 | 1908 | 2166 | 2410 | 2652 | 2869 | 3097 | 6168 | 6627 | 7079 | 7476 |
| 115 | 367 | 827 | 1054 | 1342 | 1668 | 1909 | 2167 | 2411 | 2653 | 2870 | 3098 | 6171 | 6630 | 7080 | 7488 |
| 116 | 368 | 828 | 1055 | 1347 | 1669 | 1910 | 2170 | 2413 | 2654 | 2871 | 3099 | 6172 | 6635 | 7081 | 7489 |
| 117 | 369 | 829 | 1056 | 1348 | 1670 | 1911 | 2172 | 2414 | 2656 | 2872 | 3101 | 6176 | 6639 | 7082 | 7496 |
| 118 | 370 | 830 | 1057 | 1349 | 1671 | 1912 | 2173 | 2417 | 2657 | 2873 | 3102 | 6180 | 6642 | 7085 | 7497 |
| 119 | 371 | 831 | 1058 | 1350 | 1672 | 1913 | 2174 | 2418 | 2658 | 2874 | 3103 | 6185 | 6644 | 7087 | 7499 |
| 120 | 372 | 832 | 1059 | 1354 | 1673 | 1914 | 2175 | 2422 | 2659 | 2875 | 3104 | 6188 | 6645 | 7088 | 7500 |
| 121 | 373 | 833 | 1060 | 1359 | 1674 | 1915 | 2176 | 2423 | 2660 | 2877 | 3107 | 6190 | 6646 | 7089 | 7501 |
| 122 | 374 | 834 | 1061 | 1366 | 1675 | 1916 | 2177 | 2425 | 2661 | 2878 | 3108 | 6191 | 6648 | 7091 | 7508 |
| 123 | 376 | 835 | 1062 | 1369 | 1676 | 1917 | 2178 | 2426 | 2662 | 2879 | 3109 | 6193 | 6650 | 7096 | 7509 |
| 124 | 377 | 836 | 1063 | 1370 | 1677 | 1918 | 2179 | 2431 | 2663 | 2881 | 3110 | 6196 | 6651 | 7098 | 7511 |
| 125 | 378 | 837 | 1065 | 1371 | 1678 | 1920 | 2182 | 2436 | 2664 | 2882 | 3111 | 6197 | 6652 | 7100 | 7515 |
| 126 | 380 | 839 | 1066 | 1372 | 1679 | 1921 | 2184 | 2438 | 2665 | 2884 | 3112 | 6201 | 6654 | 7103 | 7519 |
| 127 | 382 | 840 | 1067 | 1373 | 1680 | 1922 | 2185 | 2440 | 2666 | 2885 | 3113 | 6204 | 6655 | 7105 | 7520 |
| 128 | 384 | 841 | 1068 | 1374 | 1681 | 1923 | 2186 | 2441 | 2667 | 2886 | 3114 | 6205 | 6656 | 7110 | 7523 |
| 129 | 385 | 842 | 1069 | 1375 | 1682 | 1924 | 2191 | 2442 | 2668 | 2887 | 3115 | 6207 | 6659 | 7115 | 7525 |
| 130 | 386 | 843 | 1070 | 1376 | 1683 | 1925 | 2192 | 2443 | 2669 | 2888 | 3116 | 6208 | 6665 | 7116 | 7526 |
| 131 | 388 | 844 | 1071 | 1377 | 1684 | 1926 | 2193 | 2444 | 2670 | 2889 | 3117 | 6211 | 6666 | 7120 | 7527 |
| 132 | 389 | 845 | 1072 | 1378 | 1685 | 1927 | 2195 | 2445 | 2671 | 2890 | 3118 | 6216 | 6668 | 7121 | 7530 |
| 133 | 391 | 846 | 1073 | 1379 | 1686 | 1929 | 2196 | 2446 | 2672 | 2891 | 3119 | 6218 | 6671 | 7122 | 7531 |
| 134 | 392 | 847 | 1074 | 1380 | 1687 | 1931 | 2197 | 2447 | 2673 | 2892 | 3120 | 6219 | 6672 | 7123 | 7536 |
| 135 | 394 | 849 | 1075 | 1381 | 1688 | 1932 | 2198 | 2448 | 2674 | 2893 | 3121 | 6223 | 6674 | 7125 | 7537 |
| 136 | 395 | 852 | 1076 | 1382 | 1689 | 1934 | 2201 | 2449 | 2675 | 2894 | 3122 | 6227 | 6675 | 7127 | 7538 |
| 137 | 396 | 853 | 1077 | 1383 | 1690 | 1935 | 2202 | 2450 | 2676 | 2895 | 3123 | 6234 | 6676 | 7128 | 7539 |

【１３２８】

【表Ｄ１－４】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 138 | 397 | 854 | 1078 | 1384 | 1691 | 1936 | 2205 | 2451 | 2677 | 2896 | 3124 | 6236 | 6680 | 7129 | 7540 |
| 139 | 398 | 856 | 1079 | 1385 | 1693 | 1937 | 2206 | 2452 | 2679 | 2897 | 3125 | 6240 | 6681 | 7131 | 7541 |
| 140 | 399 | 860 | 1080 | 1386 | 1694 | 1938 | 2207 | 2453 | 2680 | 2898 | 3126 | 6243 | 6683 | 7135 | 7543 |
| 141 | 400 | 861 | 1081 | 1387 | 1695 | 1939 | 2213 | 2454 | 2681 | 2900 | 3127 | 6244 | 6684 | 7136 | 7545 |
| 142 | 402 | 862 | 1082 | 1388 | 1696 | 1940 | 2214 | 2455 | 2682 | 2901 | 3128 | 6247 | 6685 | 7138 | 7547 |
| 143 | 403 | 863 | 1083 | 1389 | 1697 | 1941 | 2219 | 2456 | 2683 | 2902 | 3129 | 6248 | 6686 | 7140 | 7549 |
| 144 | 404 | 866 | 1084 | 1390 | 1698 | 1942 | 2224 | 2457 | 2684 | 2903 | 3130 | 6250 | 6688 | 7141 | 7550 |
| 145 | 407 | 867 | 1085 | 1391 | 1699 | 1943 | 2225 | 2458 | 2685 | 2904 | 3131 | 6253 | 6690 | 7142 | 7555 |
| 146 | 408 | 868 | 1086 | 1392 | 1700 | 1944 | 2226 | 2459 | 2687 | 2905 | 3133 | 6254 | 6692 | 7143 | 7556 |
| 147 | 409 | 871 | 1087 | 1393 | 1701 | 1945 | 2227 | 2460 | 2688 | 2906 | 3134 | 6257 | 6693 | 7144 | 7558 |
| 148 | 413 | 872 | 1088 | 1394 | 1702 | 1946 | 2228 | 2461 | 2689 | 2907 | 3135 | 6258 | 6695 | 7147 | 7565 |
| 149 | 415 | 873 | 1089 | 1395 | 1703 | 1947 | 2229 | 2462 | 2690 | 2908 | 3136 | 6263 | 6698 | 7148 | 7566 |
| 150 | 416 | 874 | 1090 | 1396 | 1704 | 1948 | 2230 | 2463 | 2692 | 2909 | 3138 | 6264 | 6705 | 7150 | 7567 |
| 151 | 423 | 875 | 1091 | 1397 | 1705 | 1949 | 2231 | 2464 | 2693 | 2910 | 3139 | 6265 | 6706 | 7151 | 7568 |
| 153 | 426 | 876 | 1092 | 1398 | 1706 | 1950 | 2232 | 2465 | 2695 | 2911 | 3144 | 6266 | 6708 | 7153 | 7569 |
| 154 | 428 | 877 | 1093 | 1399 | 1707 | 1951 | 2233 | 2468 | 2696 | 2912 | 3146 | 6267 | 6709 | 7154 | 7570 |
| 156 | 438 | 878 | 1094 | 1400 | 1708 | 1952 | 2234 | 2469 | 2697 | 2913 | 3149 | 6268 | 6710 | 7157 | 7574 |
| 157 | 449 | 879 | 1095 | 1401 | 1709 | 1953 | 2235 | 2470 | 2700 | 2914 | 3152 | 6269 | 6713 | 7158 | 7576 |
| 158 | 450 | 880 | 1097 | 1402 | 1710 | 1954 | 2236 | 2471 | 2701 | 2915 | 3154 | 6271 | 6715 | 7160 | 7578 |
| 159 | 452 | 881 | 1103 | 1403 | 1711 | 1955 | 2238 | 2472 | 2702 | 2916 | 3155 | 6272 | 6716 | 7163 | 7580 |
| 160 | 460 | 882 | 1115 | 1404 | 1712 | 1956 | 2239 | 2474 | 2703 | 2917 | 3157 | 6273 | 6717 | 7164 | 7582 |
| 161 | 461 | 883 | 1116 | 1405 | 1713 | 1957 | 2240 | 2477 | 2706 | 2918 | 3167 | 6275 | 6718 | 7167 | 7585 |
| 162 | 462 | 884 | 1117 | 1406 | 1714 | 1958 | 2241 | 2478 | 2708 | 2919 | 3169 | 6278 | 6719 | 7169 | 7587 |
| 164 | 464 | 885 | 1118 | 1407 | 1715 | 1959 | 2242 | 2480 | 2709 | 2920 | 3171 | 6281 | 6724 | 7170 | 7588 |
| 165 | 469 | 886 | 1120 | 1408 | 1716 | 1960 | 2244 | 2488 | 2710 | 2921 | 3172 | 6284 | 6726 | 7171 | 7589 |
| 166 | 470 | 887 | 1121 | 1409 | 1717 | 1961 | 2245 | 2489 | 2711 | 2922 | 3173 | 6285 | 6728 | 7172 | 7590 |
| 167 | 472 | 888 | 1123 | 1410 | 1718 | 1962 | 2246 | 2490 | 2712 | 2923 | 3176 | 6286 | 6730 | 7174 | 7591 |
| 168 | 480 | 889 | 1126 | 1411 | 1719 | 1963 | 2247 | 2497 | 2713 | 2925 | 3177 | 6287 | 6731 | 7175 | 7593 |
| 169 | 481 | 890 | 1131 | 1412 | 1720 | 1964 | 2248 | 2498 | 2714 | 2926 | 3180 | 6289 | 6732 | 7176 | 7594 |
| 170 | 483 | 891 | 1136 | 1413 | 1721 | 1965 | 2249 | 2503 | 2715 | 2927 | 3181 | 6290 | 6733 | 7180 | 7597 |
| 171 | 484 | 892 | 1137 | 1414 | 1722 | 1966 | 2250 | 2504 | 2716 | 2928 | 3184 | 6292 | 6736 | 7181 | 7599 |
| 172 | 502 | 893 | 1138 | 1415 | 1723 | 1967 | 2251 | 2505 | 2717 | 2929 | 3190 | 6293 | 6738 | 7184 | 7600 |
| 173 | 503 | 894 | 1139 | 1416 | 1725 | 1968 | 2252 | 2506 | 2718 | 2930 | 3196 | 6294 | 6744 | 7186 | 7606 |
| 175 | 504 | 895 | 1140 | 1417 | 1726 | 1969 | 2253 | 2507 | 2719 | 2931 | 3198 | 6300 | 6746 | 7187 | 7607 |
| 176 | 523 | 896 | 1141 | 1418 | 1729 | 1970 | 2254 | 2508 | 2720 | 2932 | 3199 | 6304 | 6751 | 7188 | 7610 |
| 180 | 524 | 897 | 1142 | 1419 | 1735 | 1971 | 2255 | 2509 | 2721 | 2933 | 3208 | 6305 | 6754 | 7189 | 7612 |
| 181 | 527 | 898 | 1143 | 1420 | 1736 | 1972 | 2256 | 2510 | 2722 | 2934 | 3214 | 6307 | 6756 | 7191 | 7613 |
| 183 | 534 | 899 | 1144 | 1421 | 1738 | 1973 | 2257 | 2511 | 2723 | 2935 | 3233 | 6309 | 6757 | 7192 | 7615 |
| 184 | 535 | 900 | 1145 | 1422 | 1739 | 1974 | 2259 | 2512 | 2724 | 2936 | 3247 | 6310 | 6758 | 7193 | 7617 |
| 185 | 537 | 901 | 1146 | 1423 | 1741 | 1975 | 2260 | 2513 | 2725 | 2937 | 3248 | 6311 | 6760 | 7194 | 7621 |
| 190 | 538 | 902 | 1147 | 1424 | 1742 | 1976 | 2261 | 2514 | 2726 | 2938 | 3251 | 6312 | 6761 | 7197 | 7625 |

【１３２９】

【表Ｄ１－５】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 191 | 539 | 903 | 1148 | 1425 | 1743 | 1977 | 2262 | 2515 | 2727 | 2939 | 3252 | 6313 | 6762 | 7198 | 7629 |
| 192 | 540 | 904 | 1149 | 1426 | 1747 | 1978 | 2263 | 2516 | 2728 | 2940 | 3253 | 6317 | 6765 | 7203 | 7632 |
| 194 | 541 | 905 | 1150 | 1427 | 1751 | 1979 | 2264 | 2517 | 2729 | 2941 | 3254 | 6318 | 6770 | 7204 | 7633 |
| 195 | 543 | 906 | 1151 | 1429 | 1752 | 1980 | 2265 | 2518 | 2730 | 2942 | 3256 | 6322 | 6772 | 7205 | 7634 |
| 196 | 544 | 907 | 1152 | 1430 | 1753 | 1981 | 2266 | 2519 | 2731 | 2943 | 3259 | 6323 | 6773 | 7206 | 7635 |
| 198 | 545 | 908 | 1153 | 1431 | 1754 | 1982 | 2268 | 2520 | 2732 | 2945 | 3260 | 6324 | 6776 | 7207 | 7636 |
| 199 | 547 | 909 | 1154 | 1432 | 1755 | 1983 | 2270 | 2521 | 2733 | 2947 | 3261 | 6325 | 6777 | 7209 | 7638 |
| 200 | 550 | 910 | 1155 | 1433 | 1756 | 1984 | 2271 | 2522 | 2734 | 2948 | 3262 | 6327 | 6778 | 7214 | 7644 |
| 201 | 553 | 911 | 1156 | 1434 | 1757 | 1985 | 2273 | 2523 | 2735 | 2950 | 3263 | 6328 | 6783 | 7215 | 7646 |
| 203 | 554 | 912 | 1157 | 1435 | 1758 | 1986 | 2275 | 2524 | 2736 | 2951 | 3264 | 6329 | 6784 | 7216 | 7649 |
| 205 | 555 | 913 | 1158 | 1436 | 1759 | 1987 | 2276 | 2525 | 2737 | 2953 | 3266 | 6339 | 6785 | 7217 | 7650 |
| 206 | 557 | 914 | 1159 | 1439 | 1760 | 1988 | 2277 | 2526 | 2738 | 2954 | 3268 | 6340 | 6786 | 7218 | 7651 |
| 207 | 559 | 915 | 1160 | 1440 | 1761 | 1989 | 2278 | 2527 | 2739 | 2955 | 3269 | 6343 | 6788 | 7222 | 7652 |
| 208 | 561 | 916 | 1161 | 1441 | 1762 | 1990 | 2279 | 2528 | 2740 | 2957 | 3270 | 6344 | 6793 | 7226 | 7653 |
| 209 | 563 | 917 | 1163 | 1442 | 1764 | 1991 | 2280 | 2529 | 2741 | 2959 | 3272 | 6346 | 6794 | 7227 | 7654 |
| 210 | 565 | 918 | 1164 | 1444 | 1765 | 1992 | 2282 | 2530 | 2742 | 2960 | 3277 | 6349 | 6795 | 7228 | 7656 |
| 211 | 567 | 919 | 1165 | 1446 | 1766 | 1993 | 2286 | 2531 | 2743 | 2962 | 3286 | 6351 | 6796 | 7240 | 7657 |
| 212 | 568 | 920 | 1166 | 1447 | 1767 | 1994 | 2287 | 2532 | 2744 | 2965 | 3302 | 6356 | 6797 | 7242 | 7658 |
| 213 | 570 | 921 | 1167 | 1449 | 1768 | 1995 | 2288 | 2533 | 2745 | 2966 | 3303 | 6363 | 6798 | 7243 | 7659 |
| 215 | 571 | 922 | 1168 | 1452 | 1769 | 1996 | 2291 | 2534 | 2746 | 2967 | 3305 | 6364 | 6801 | 7244 | 7660 |
| 216 | 572 | 923 | 1169 | 1455 | 1770 | 1997 | 2292 | 2535 | 2747 | 2970 | 3310 | 6367 | 6802 | 7246 | 7662 |
| 217 | 575 | 924 | 1170 | 1456 | 1771 | 1998 | 2294 | 2536 | 2748 | 2971 | 3313 | 6370 | 6808 | 7247 | 7663 |
| 218 | 583 | 925 | 1171 | 1460 | 1772 | 1999 | 2295 | 2537 | 2749 | 2972 | 3315 | 6377 | 6809 | 7250 | 7665 |
| 219 | 584 | 926 | 1172 | 1471 | 1773 | 2000 | 2299 | 2538 | 2750 | 2973 | 3316 | 6378 | 6811 | 7251 | 7667 |
| 223 | 585 | 927 | 1173 | 1497 | 1774 | 2001 | 2300 | 2539 | 2751 | 2974 | 3326 | 6381 | 6815 | 7252 | 7668 |
| 225 | 589 | 928 | 1174 | 1499 | 1775 | 2002 | 2301 | 2540 | 2752 | 2975 | 3329 | 6384 | 6816 | 7253 | 7670 |
| 227 | 590 | 929 | 1176 | 1504 | 1776 | 2003 | 2302 | 2541 | 2755 | 2976 | 4501 | 6387 | 6823 | 7255 | 7674 |
| 228 | 591 | 931 | 1177 | 1505 | 1777 | 2004 | 2303 | 2542 | 2756 | 2977 | 4502 | 6389 | 6826 | 7258 | 7675 |
| 229 | 592 | 933 | 1178 | 1506 | 1778 | 2005 | 2304 | 2543 | 2757 | 2979 | 4503 | 6394 | 6827 | 7261 | 7676 |
| 230 | 594 | 934 | 1179 | 1507 | 1779 | 2006 | 2305 | 2544 | 2758 | 2980 | 4505 | 6395 | 6832 | 7262 | 7677 |
| 232 | 595 | 936 | 1181 | 1508 | 1780 | 2007 | 2306 | 2545 | 2760 | 2981 | 4506 | 6402 | 6834 | 7263 | 7679 |
| 234 | 596 | 937 | 1184 | 1519 | 1781 | 2008 | 2307 | 2546 | 2761 | 2982 | 4507 | 6403 | 6841 | 7264 | 7681 |
| 235 | 597 | 938 | 1185 | 1521 | 1783 | 2009 | 2308 | 2547 | 2762 | 2983 | 4508 | 6407 | 6842 | 7267 | 7682 |
| 236 | 598 | 939 | 1186 | 1523 | 1784 | 2011 | 2309 | 2548 | 2764 | 2984 | 4509 | 6409 | 6845 | 7273 | 7685 |
| 237 | 599 | 944 | 1187 | 1527 | 1785 | 2012 | 2310 | 2549 | 2765 | 2985 | 4510 | 6410 | 6850 | 7274 | 7694 |
| 238 | 600 | 945 | 1190 | 1529 | 1786 | 2013 | 2311 | 2550 | 2766 | 2986 | 4511 | 6412 | 6852 | 7275 | 7695 |
| 239 | 602 | 946 | 1193 | 1539 | 1787 | 2014 | 2312 | 2551 | 2767 | 2987 | 4512 | 6415 | 6855 | 7276 | 7698 |
| 240 | 604 | 948 | 1197 | 1540 | 1788 | 2015 | 2313 | 2552 | 2768 | 2988 | 4513 | 6417 | 6859 | 7280 | 7702 |
| 241 | 605 | 950 | 1198 | 1541 | 1789 | 2017 | 2314 | 2553 | 2769 | 2989 | 4514 | 6418 | 6861 | 7281 | 7706 |
| 242 | 606 | 951 | 1199 | 1542 | 1790 | 2018 | 2315 | 2554 | 2772 | 2990 | 4515 | 6419 | 6864 | 7282 | 7707 |
| 243 | 607 | 952 | 1200 | 1543 | 1792 | 2019 | 2316 | 2555 | 2773 | 2991 | 4516 | 6421 | 6866 | 7284 | 7714 |

【１３３０】

【表Ｄ１－６】

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 244 | 610 | 957 | 1201 | 1544 | 1793 | 2020 | 2317 | 2556 | 2774 | 2992 | 4517 | 6423 | 6870 | 7286 | 7717 |
| 245 | 613 | 958 | 1202 | 1545 | 1794 | 2021 | 2318 | 2557 | 2775 | 2993 | 4518 | 6424 | 6872 | 7288 | 7719 |
| 248 | 614 | 959 | 1203 | 1546 | 1795 | 2022 | 2319 | 2558 | 2776 | 2994 | 4519 | 6425 | 6873 | 7290 | 7723 |
| 249 | 616 | 960 | 1204 | 1547 | 1796 | 2023 | 2320 | 2559 | 2777 | 2995 | 4520 | 6426 | 6874 | 7291 | 7724 |
| 252 | 617 | 961 | 1205 | 1548 | 1799 | 2024 | 2321 | 2560 | 2778 | 2997 | 4521 | 6427 | 6876 | 7292 | 7728 |
| 253 | 618 | 962 | 1206 | 1549 | 1801 | 2025 | 2322 | 2561 | 2779 | 2998 | 4522 | 6429 | 6877 | 7293 | |
| 254 | 624 | 963 | 1207 | 1550 | 1802 | 2027 | 2323 | 2562 | 2780 | 2999 | 4523 | 6432 | 6878 | 7294 | |

【１３３１】

更なる分析は、条件１、２、及び３の全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約３２０の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、スクリーニングアッセイの全ての分析される条件において編集活性を有していたことを示す（図１４、マゼンタ色のドット）。これらは、以下の表Ｄ２に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３３２】

【表Ｄ２－１】

表D2. 条件1、2、及び3の全てにわたって少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 874 | 1377 | 1945 | 2370 | 2711 | 3014 |
| 35 | 878 | 1380 | 1953 | 2371 | 2712 | 3015 |
| 36 | 882 | 1381 | 1961 | 2449 | 2713 | 3018 |
| 37 | 883 | 1382 | 1970 | 2503 | 2714 | 3026 |
| 38 | 884 | 1383 | 1976 | 2504 | 2715 | 3035 |
| 39 | 890 | 1384 | 1992 | 2505 | 2718 | 3039 |
| 40 | 900 | 1385 | 2048 | 2506 | 2721 | 3042 |
| 41 | 901 | 1389 | 2086 | 2507 | 2726 | 3053 |
| 49 | 912 | 1390 | 2091 | 2508 | 2734 | 3059 |
| 62 | 958 | 1394 | 2093 | 2510 | 2780 | 3067 |
| 97 | 960 | 1397 | 2115 | 2511 | 2781 | 3076 |
| 113 | 963 | 1400 | 2144 | 2512 | 2782 | 3079 |
| 117 | 964 | 1401 | 2158 | 2513 | 2783 | 3084 |
| 121 | 966 | 1404 | 2192 | 2514 | 2784 | 3091 |
| 139 | 987 | 1405 | 2225 | 2515 | 2787 | 3093 |
| 140 | 1006 | 1406 | 2227 | 2518 | 2788 | 3094 |
| 141 | 1007 | 1410 | 2231 | 2519 | 2789 | 3096 |
| 142 | 1008 | 1540 | 2299 | 2521 | 2790 | 3108 |
| 190 | 1012 | 1543 | 2300 | 2525 | 2792 | 3111 |
| 191 | 1015 | 1550 | 2301 | 2526 | 2794 | 3112 |
| 192 | 1016 | 1616 | 2302 | 2527 | 2795 | 3116 |
| 195 | 1017 | 1618 | 2303 | 2528 | 2797 | 3120 |

【１３３３】

【表Ｄ２－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 199 | 1018 | 1619 | 2304 | 2530 | 2798 | 3125 |
| 212 | 1019 | 1666 | 2305 | 2534 | 2800 | 3126 |
| 213 | 1020 | 1668 | 2308 | 2536 | 2801 | 3130 |
| 228 | 1022 | 1672 | 2309 | 2542 | 2802 | |
| 232 | 1023 | 1677 | 2311 | 2544 | 2804 | |
| 239 | 1025 | 1679 | 2312 | 2548 | 2813 | |
| 268 | 1038 | 1682 | 2314 | 2559 | 2817 | |
| 303 | 1049 | 1686 | 2315 | 2568 | 2818 | |
| 313 | 1059 | 1754 | 2316 | 2610 | 2826 | |
| 316 | 1137 | 1759 | 2317 | 2611 | 2835 | |
| 318 | 1168 | 1770 | 2319 | 2612 | 2865 | |
| 332 | 1171 | 1856 | 2322 | 2614 | 2874 | |
| 341 | 1197 | 1857 | 2323 | 2615 | 2877 | |
| 363 | 1198 | 1861 | 2325 | 2618 | 2886 | |
| 396 | 1202 | 1863 | 2326 | 2619 | 2888 | |
| 480 | 1203 | 1864 | 2327 | 2622 | 2890 | |
| 550 | 1216 | 1865 | 2328 | 2623 | 2895 | |
| 590 | 1219 | 1868 | 2329 | 2624 | 2901 | |
| 647 | 1225 | 1870 | 2331 | 2627 | 2904 | |
| 715 | 1235 | 1877 | 2335 | 2629 | 2920 | |
| 800 | 1242 | 1883 | 2338 | 2632 | 2932 | |
| 801 | 1371 | 1889 | 2342 | 2633 | 2937 | |
| 804 | 1372 | 1937 | 2346 | 2636 | 2943 | |
| 806 | 1373 | 1938 | 2353 | 2638 | 2950 | |
| 871 | 1374 | 1940 | 2363 | 2644 | 2966 | |
| 872 | 1375 | 1942 | 2364 | 2648 | 2972 | |
| 873 | 1376 | 1943 | 2365 | 2653 | 2982 | |

【１３３４】

更なる配列決定データを、ゲノム編集活性の証拠における検出感度及び信頼性を向上さ

せるために、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ１０条件（条件３）についての同じＤＮＡライブラリーのために生成した。条件３についての修正されたデータセットを含むこの更なる分析は、条件１、２、及び３の全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約４２０の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの全ての条件において編集活性を有していたことを示す。これらは、以下の表Ｄ３に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３３５】

【表Ｄ３－１】

表D3. 条件1、2、又は3の全てにわたって少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 961 | 1616 | 2301 | 2568 | 2822 | 4522 |
| 35 | 963 | 1618 | 2302 | 2578 | 2826 | 4532 |
| 36 | 964 | 1619 | 2303 | 2585 | 2833 | 6312 |
| 37 | 966 | 1666 | 2304 | 2592 | 2835 | 6505 |
| 38 | 967 | 1672 | 2305 | 2610 | 2838 | 6761 |
| 39 | 978 | 1679 | 2308 | 2611 | 2840 | 6925 |
| 48 | 1006 | 1682 | 2309 | 2612 | 2865 | 7036 |
| 49 | 1007 | 1686 | 2311 | 2614 | 2871 | 7067 |
| 62 | 1008 | 1690 | 2312 | 2615 | 2874 | 7397 |
| 97 | 1012 | 1691 | 2314 | 2618 | 2877 | |
| 113 | 1015 | 1695 | 2315 | 2619 | 2878 | |
| 121 | 1016 | 1698 | 2316 | 2622 | 2886 | |
| 123 | 1017 | 1721 | 2317 | 2623 | 2887 | |
| 139 | 1018 | 1754 | 2319 | 2624 | 2888 | |
| 140 | 1019 | 1759 | 2322 | 2627 | 2890 | |
| 142 | 1020 | 1769 | 2323 | 2629 | 2895 | |
| 144 | 1022 | 1770 | 2325 | 2632 | 2901 | |
| 147 | 1023 | 1772 | 2326 | 2633 | 2904 | |
| 190 | 1025 | 1773 | 2327 | 2636 | 2905 | |
| 191 | 1029 | 1856 | 2328 | 2638 | 2909 | |
| 192 | 1038 | 1857 | 2329 | 2639 | 2920 | |
| 195 | 1043 | 1861 | 2331 | 2644 | 2922 | |
| 213 | 1049 | 1863 | 2335 | 2647 | 2928 | |
| 219 | 1052 | 1864 | 2338 | 2648 | 2932 | |
| 232 | 1059 | 1865 | 2342 | 2649 | 2937 | |
| 239 | 1061 | 1868 | 2347 | 2653 | 2943 | |
| 252 | 1115 | 1870 | 2353 | 2654 | 2948 | |
| 258 | 1137 | 1874 | 2363 | 2666 | 2950 | |
| 268 | 1168 | 1877 | 2364 | 2667 | 2966 | |
| 303 | 1171 | 1881 | 2365 | 2675 | 2967 | |
| 316 | 1197 | 1883 | 2370 | 2676 | 2972 | |
| 318 | 1198 | 1889 | 2371 | 2681 | 2976 | |
| 320 | 1202 | 1899 | 2382 | 2711 | 2982 | |
| 332 | 1203 | 1937 | 2395 | 2712 | 2991 | |
| 363 | 1210 | 1938 | 2403 | 2713 | 3014 | |
| 384 | 1216 | 1939 | 2449 | 2714 | 3015 | |
| 386 | 1219 | 1940 | 2503 | 2715 | 3018 | |
| 392 | 1225 | 1942 | 2504 | 2716 | 3026 | |
| 396 | 1235 | 1943 | 2505 | 2718 | 3035 | |
| 480 | 1242 | 1945 | 2506 | 2721 | 3039 | |

【１３３６】

【表Ｄ３－２】

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 550 | 1371 | 1953 | 2507 | 2723 | 3042 | |
| 590 | 1373 | 1961 | 2508 | 2726 | 3052 | |
| 647 | 1374 | 1968 | 2510 | 2731 | 3053 | |
| 715 | 1375 | 1970 | 2511 | 2734 | 3059 | |
| 800 | 1376 | 1976 | 2512 | 2744 | 3067 | |
| 801 | 1377 | 1978 | 2513 | 2745 | 3076 | |
| 804 | 1380 | 1991 | 2514 | 2780 | 3079 | |
| 805 | 1381 | 1992 | 2515 | 2781 | 3084 | |
| 806 | 1382 | 2048 | 2518 | 2782 | 3087 | |
| 818 | 1383 | 2086 | 2519 | 2783 | 3091 | |
| 819 | 1384 | 2091 | 2521 | 2784 | 3093 | |
| 871 | 1385 | 2092 | 2525 | 2787 | 3094 | |
| 872 | 1389 | 2093 | 2526 | 2788 | 3096 | |
| 873 | 1390 | 2115 | 2527 | 2789 | 3108 | |
| 874 | 1394 | 2137 | 2528 | 2790 | 3111 | |
| 876 | 1397 | 2144 | 2530 | 2791 | 3112 | |
| 878 | 1399 | 2148 | 2531 | 2792 | 3116 | |
| 880 | 1400 | 2158 | 2534 | 2794 | 3120 | |
| 883 | 1401 | 2172 | 2536 | 2795 | 3121 | |
| 884 | 1402 | 2174 | 2542 | 2797 | 3124 | |
| 890 | 1405 | 2192 | 2544 | 2798 | 3125 | |
| 898 | 1406 | 2225 | 2547 | 2800 | 3126 | |
| 900 | 1410 | 2226 | 2548 | 2801 | 3130 | |
| 901 | 1415 | 2227 | 2551 | 2802 | 3136 | |
| 912 | 1419 | 2231 | 2556 | 2804 | 4505 | |
| 915 | 1422 | 2235 | 2559 | 2808 | 4508 | |
| 929 | 1424 | 2236 | 2561 | 2813 | 4514 | |
| 958 | 1543 | 2299 | 2562 | 2817 | 4519 | |
| 960 | 1550 | 2300 | 2566 | 2818 | 4521 | |

【１３３７】

ライブラリー内の約３６８０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、この更なる分析を用いて、条件１、２、又は３のいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの少なくとも１つの分析される条件において編集活性を有していたことを示す。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ４に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３３８】

【表Ｄ４－１】

表D4. 上記の更なる分析に従って条件1、2、又は3のいずれか1つにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 |
|---|

【１３３９】

【表Ｄ４－２】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 343 | 846 | 1197 | 1624 | 1955 | 2294 | 2616 | 2929 | 4523 | 6495 | 7046 | 7570 |
| 2 | 344 | 847 | 1198 | 1625 | 1956 | 2295 | 2617 | 2930 | 4524 | 6497 | 7047 | 7574 |
| 3 | 345 | 848 | 1199 | 1626 | 1957 | 2299 | 2618 | 2931 | 4525 | 6499 | 7049 | 7575 |
| 4 | 346 | 849 | 1200 | 1627 | 1958 | 2300 | 2619 | 2932 | 4526 | 6501 | 7050 | 7576 |
| 5 | 348 | 850 | 1201 | 1628 | 1959 | 2301 | 2620 | 2933 | 4527 | 6502 | 7051 | 7580 |
| 6 | 349 | 852 | 1202 | 1629 | 1960 | 2302 | 2621 | 2934 | 4528 | 6503 | 7052 | 7582 |
| 7 | 350 | 853 | 1203 | 1630 | 1961 | 2303 | 2622 | 2935 | 4529 | 6505 | 7053 | 7585 |
| 9 | 351 | 854 | 1204 | 1631 | 1962 | 2304 | 2623 | 2936 | 4530 | 6506 | 7055 | 7587 |
| 10 | 352 | 855 | 1205 | 1632 | 1963 | 2305 | 2624 | 2937 | 4531 | 6511 | 7056 | 7588 |
| 12 | 353 | 856 | 1206 | 1633 | 1964 | 2306 | 2625 | 2938 | 4532 | 6512 | 7058 | 7590 |
| 13 | 354 | 857 | 1207 | 1634 | 1965 | 2307 | 2626 | 2939 | 4533 | 6515 | 7059 | 7591 |
| 14 | 355 | 860 | 1208 | 1635 | 1966 | 2308 | 2627 | 2940 | 4534 | 6524 | 7060 | 7592 |
| 17 | 356 | 861 | 1209 | 1636 | 1967 | 2309 | 2628 | 2941 | 4535 | 6525 | 7062 | 7595 |
| 18 | 357 | 862 | 1210 | 1637 | 1968 | 2310 | 2629 | 2942 | 4536 | 6526 | 7063 | 7596 |
| 19 | 358 | 863 | 1211 | 1638 | 1969 | 2311 | 2630 | 2943 | 4537 | 6527 | 7064 | 7597 |
| 22 | 359 | 866 | 1212 | 1639 | 1970 | 2312 | 2631 | 2944 | 4538 | 6529 | 7065 | 7599 |
| 24 | 360 | 867 | 1213 | 1640 | 1971 | 2313 | 2632 | 2945 | 4539 | 6530 | 7067 | 7600 |
| 28 | 361 | 868 | 1214 | 1641 | 1972 | 2314 | 2633 | 2946 | 4540 | 6531 | 7068 | 7603 |
| 33 | 362 | 869 | 1215 | 1642 | 1973 | 2315 | 2634 | 2947 | 4541 | 6532 | 7070 | 7606 |
| 34 | 363 | 870 | 1216 | 1644 | 1974 | 2316 | 2635 | 2948 | 6001 | 6533 | 7072 | 7607 |
| 35 | 364 | 871 | 1217 | 1645 | 1975 | 2317 | 2636 | 2950 | 6004 | 6535 | 7073 | 7610 |
| 36 | 365 | 872 | 1218 | 1646 | 1976 | 2318 | 2637 | 2951 | 6007 | 6538 | 7074 | 7612 |
| 37 | 366 | 873 | 1219 | 1648 | 1977 | 2319 | 2638 | 2952 | 6008 | 6540 | 7075 | 7613 |
| 38 | 367 | 874 | 1220 | 1649 | 1978 | 2320 | 2639 | 2953 | 6010 | 6542 | 7078 | 7615 |
| 39 | 368 | 875 | 1221 | 1651 | 1979 | 2321 | 2640 | 2954 | 6012 | 6543 | 7079 | 7620 |
| 40 | 369 | 876 | 1222 | 1652 | 1980 | 2322 | 2641 | 2955 | 6013 | 6544 | 7080 | 7621 |
| 41 | 370 | 877 | 1223 | 1653 | 1981 | 2323 | 2642 | 2957 | 6014 | 6545 | 7081 | 7624 |
| 42 | 371 | 878 | 1224 | 1654 | 1982 | 2324 | 2643 | 2958 | 6015 | 6549 | 7082 | 7625 |
| 43 | 372 | 879 | 1225 | 1655 | 1983 | 2325 | 2644 | 2959 | 6021 | 6551 | 7084 | 7626 |
| 44 | 373 | 880 | 1226 | 1656 | 1984 | 2326 | 2645 | 2960 | 6022 | 6552 | 7085 | 7629 |
| 45 | 374 | 881 | 1227 | 1657 | 1985 | 2327 | 2646 | 2962 | 6023 | 6555 | 7087 | 7631 |
| 46 | 375 | 882 | 1228 | 1658 | 1986 | 2328 | 2647 | 2965 | 6025 | 6557 | 7088 | 7632 |
| 47 | 376 | 883 | 1229 | 1659 | 1987 | 2329 | 2648 | 2966 | 6026 | 6559 | 7089 | 7633 |
| 48 | 377 | 884 | 1230 | 1660 | 1988 | 2330 | 2649 | 2967 | 6028 | 6561 | 7091 | 7634 |
| 49 | 380 | 885 | 1231 | 1661 | 1989 | 2331 | 2650 | 2968 | 6029 | 6563 | 7092 | 7635 |
| 50 | 382 | 886 | 1232 | 1662 | 1990 | 2332 | 2651 | 2969 | 6030 | 6564 | 7095 | 7636 |
| 51 | 383 | 887 | 1233 | 1663 | 1991 | 2333 | 2652 | 2971 | 6031 | 6565 | 7096 | 7638 |
| 52 | 384 | 888 | 1234 | 1664 | 1992 | 2334 | 2653 | 2972 | 6036 | 6566 | 7098 | 7643 |
| 53 | 385 | 889 | 1235 | 1665 | 1993 | 2335 | 2654 | 2973 | 6038 | 6567 | 7100 | 7644 |
| 54 | 386 | 890 | 1236 | 1666 | 1994 | 2336 | 2655 | 2974 | 6040 | 6568 | 7103 | 7646 |
| 55 | 387 | 891 | 1237 | 1667 | 1995 | 2337 | 2656 | 2975 | 6041 | 6572 | 7104 | 7649 |

【１３４０】

【表Ｄ４－３】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 56 | 388 | 892 | 1238 | 1668 | 1996 | 2338 | 2657 | 2976 | 6043 | 6575 | 7105 | 7650 |
| 57 | 389 | 893 | 1239 | 1669 | 1997 | 2339 | 2658 | 2979 | 6045 | 6577 | 7109 | 7651 |
| 58 | 391 | 894 | 1240 | 1670 | 1998 | 2340 | 2659 | 2981 | 6048 | 6579 | 7110 | 7652 |
| 59 | 392 | 895 | 1241 | 1671 | 1999 | 2341 | 2660 | 2982 | 6049 | 6580 | 7111 | 7653 |
| 60 | 393 | 896 | 1242 | 1672 | 2000 | 2342 | 2661 | 2983 | 6051 | 6581 | 7114 | 7654 |
| 61 | 394 | 897 | 1243 | 1673 | 2001 | 2343 | 2662 | 2984 | 6054 | 6582 | 7115 | 7656 |
| 62 | 395 | 898 | 1244 | 1674 | 2002 | 2344 | 2663 | 2985 | 6055 | 6583 | 7116 | 7657 |
| 63 | 396 | 899 | 1245 | 1675 | 2003 | 2345 | 2664 | 2986 | 6056 | 6584 | 7120 | 7658 |
| 64 | 397 | 900 | 1246 | 1676 | 2004 | 2346 | 2665 | 2987 | 6057 | 6585 | 7121 | 7659 |
| 65 | 398 | 901 | 1247 | 1677 | 2005 | 2347 | 2666 | 2988 | 6058 | 6587 | 7123 | 7660 |
| 66 | 399 | 902 | 1248 | 1678 | 2006 | 2348 | 2667 | 2989 | 6059 | 6589 | 7125 | 7662 |
| 67 | 400 | 903 | 1249 | 1679 | 2007 | 2349 | 2668 | 2990 | 6060 | 6590 | 7127 | 7663 |
| 68 | 401 | 904 | 1250 | 1680 | 2008 | 2350 | 2669 | 2991 | 6061 | 6591 | 7128 | 7665 |
| 69 | 402 | 905 | 1251 | 1681 | 2009 | 2351 | 2670 | 2992 | 6063 | 6594 | 7129 | 7667 |
| 70 | 403 | 906 | 1252 | 1682 | 2010 | 2352 | 2671 | 2993 | 6064 | 6595 | 7131 | 7668 |
| 71 | 404 | 907 | 1253 | 1683 | 2011 | 2353 | 2672 | 2994 | 6067 | 6596 | 7133 | 7669 |
| 72 | 406 | 908 | 1254 | 1684 | 2012 | 2354 | 2673 | 2995 | 6068 | 6598 | 7134 | 7670 |
| 73 | 407 | 909 | 1255 | 1685 | 2013 | 2355 | 2674 | 2997 | 6069 | 6600 | 7135 | 7674 |
| 74 | 408 | 910 | 1256 | 1686 | 2014 | 2356 | 2675 | 2998 | 6071 | 6601 | 7136 | 7675 |
| 75 | 409 | 911 | 1257 | 1687 | 2015 | 2357 | 2676 | 2999 | 6072 | 6602 | 7140 | 7676 |
| 76 | 410 | 912 | 1258 | 1688 | 2017 | 2358 | 2677 | 3001 | 6073 | 6603 | 7141 | 7677 |
| 77 | 413 | 913 | 1259 | 1689 | 2018 | 2359 | 2678 | 3002 | 6074 | 6606 | 7142 | 7679 |
| 78 | 415 | 914 | 1261 | 1690 | 2019 | 2360 | 2679 | 3003 | 6076 | 6607 | 7143 | 7681 |
| 79 | 416 | 915 | 1262 | 1691 | 2020 | 2361 | 2680 | 3004 | 6079 | 6608 | 7144 | 7682 |
| 80 | 419 | 916 | 1263 | 1692 | 2021 | 2362 | 2681 | 3005 | 6080 | 6609 | 7147 | 7685 |
| 81 | 420 | 917 | 1264 | 1693 | 2022 | 2363 | 2682 | 3006 | 6081 | 6610 | 7148 | 7686 |
| 82 | 421 | 918 | 1265 | 1694 | 2023 | 2364 | 2683 | 3007 | 6083 | 6611 | 7149 | 7689 |
| 83 | 424 | 919 | 1266 | 1695 | 2024 | 2365 | 2684 | 3008 | 6084 | 6612 | 7150 | 7693 |
| 85 | 426 | 920 | 1267 | 1696 | 2025 | 2366 | 2685 | 3009 | 6089 | 6613 | 7151 | 7694 |
| 86 | 427 | 921 | 1269 | 1697 | 2026 | 2367 | 2687 | 3010 | 6090 | 6614 | 7153 | 7695 |
| 87 | 428 | 922 | 1270 | 1698 | 2027 | 2368 | 2688 | 3011 | 6091 | 6615 | 7154 | 7698 |
| 88 | 429 | 923 | 1271 | 1699 | 2028 | 2369 | 2689 | 3012 | 6092 | 6617 | 7155 | 7700 |
| 89 | 432 | 924 | 1272 | 1700 | 2029 | 2370 | 2690 | 3014 | 6093 | 6618 | 7156 | 7701 |
| 90 | 433 | 925 | 1273 | 1701 | 2030 | 2371 | 2691 | 3015 | 6094 | 6619 | 7158 | 7702 |
| 91 | 438 | 926 | 1274 | 1702 | 2031 | 2372 | 2692 | 3016 | 6096 | 6621 | 7159 | 7706 |
| 92 | 441 | 927 | 1275 | 1703 | 2033 | 2373 | 2693 | 3018 | 6097 | 6622 | 7160 | 7707 |
| 94 | 446 | 928 | 1277 | 1704 | 2034 | 2374 | 2694 | 3019 | 6099 | 6623 | 7163 | 7708 |
| 95 | 449 | 929 | 1278 | 1705 | 2035 | 2375 | 2695 | 3020 | 6103 | 6624 | 7164 | 7713 |
| 96 | 450 | 930 | 1279 | 1706 | 2036 | 2376 | 2697 | 3021 | 6105 | 6625 | 7167 | 7715 |
| 97 | 452 | 931 | 1280 | 1707 | 2037 | 2377 | 2698 | 3022 | 6106 | 6627 | 7169 | 7717 |
| 98 | 460 | 932 | 1282 | 1708 | 2038 | 2378 | 2699 | 3023 | 6107 | 6629 | 7170 | 7719 |

【１３４１】

【表Ｄ４－４】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 99 | 461 | 933 | 1288 | 1709 | 2039 | 2379 | 2700 | 3025 | 6108 | 6630 | 7171 | 7721 |
| 100 | 462 | 934 | 1290 | 1710 | 2040 | 2380 | 2701 | 3026 | 6112 | 6632 | 7172 | 7722 |
| 101 | 464 | 936 | 1295 | 1711 | 2041 | 2381 | 2702 | 3027 | 6115 | 6635 | 7174 | 7723 |
| 102 | 465 | 937 | 1296 | 1712 | 2042 | 2382 | 2703 | 3028 | 6117 | 6639 | 7175 | 7724 |
| 103 | 469 | 938 | 1298 | 1713 | 2043 | 2383 | 2704 | 3029 | 6121 | 6642 | 7176 | 7726 |
| 104 | 470 | 939 | 1299 | 1714 | 2044 | 2384 | 2708 | 3030 | 6122 | 6644 | 7180 | 7727 |
| 105 | 472 | 940 | 1301 | 1715 | 2045 | 2385 | 2709 | 3031 | 6123 | 6645 | 7181 | 7729 |
| 106 | 475 | 942 | 1302 | 1716 | 2046 | 2386 | 2710 | 3033 | 6129 | 6646 | 7184 | 7730 |
| 107 | 476 | 943 | 1304 | 1717 | 2047 | 2387 | 2711 | 3034 | 6130 | 6648 | 7186 | 7731 |
| 108 | 480 | 944 | 1305 | 1718 | 2048 | 2388 | 2712 | 3035 | 6133 | 6650 | 7187 | 7732 |
| 110 | 481 | 945 | 1308 | 1719 | 2049 | 2389 | 2713 | 3036 | 6136 | 6651 | 7188 | 7737 |
| 112 | 483 | 946 | 1311 | 1720 | 2050 | 2390 | 2714 | 3037 | 6138 | 6652 | 7191 | 7740 |
| 113 | 484 | 948 | 1312 | 1721 | 2051 | 2391 | 2715 | 3038 | 6139 | 6654 | 7192 | 7741 |
| 114 | 486 | 950 | 1314 | 1722 | 2052 | 2392 | 2716 | 3039 | 6142 | 6655 | 7194 | |
| 115 | 488 | 951 | 1315 | 1723 | 2053 | 2393 | 2717 | 3040 | 6143 | 6656 | 7196 | |
| 116 | 489 | 952 | 1320 | 1725 | 2054 | 2394 | 2718 | 3041 | 6144 | 6659 | 7197 | |
| 117 | 495 | 957 | 1322 | 1726 | 2055 | 2395 | 2719 | 3042 | 6147 | 6664 | 7198 | |
| 118 | 502 | 958 | 1324 | 1728 | 2056 | 2396 | 2720 | 3043 | 6148 | 6665 | 7201 | |
| 119 | 503 | 959 | 1326 | 1729 | 2057 | 2397 | 2721 | 3044 | 6150 | 6666 | 7203 | |
| 120 | 504 | 960 | 1327 | 1730 | 2058 | 2398 | 2722 | 3045 | 6151 | 6671 | 7204 | |
| 121 | 510 | 961 | 1328 | 1731 | 2059 | 2399 | 2723 | 3046 | 6152 | 6674 | 7206 | |
| 122 | 517 | 962 | 1329 | 1733 | 2060 | 2400 | 2724 | 3047 | 6153 | 6675 | 7209 | |
| 123 | 522 | 963 | 1338 | 1734 | 2061 | 2401 | 2725 | 3048 | 6155 | 6676 | 7212 | |
| 124 | 523 | 964 | 1340 | 1735 | 2062 | 2402 | 2726 | 3049 | 6158 | 6679 | 7214 | |
| 125 | 524 | 965 | 1342 | 1736 | 2063 | 2403 | 2727 | 3050 | 6160 | 6680 | 7215 | |
| 126 | 527 | 966 | 1346 | 1737 | 2064 | 2404 | 2728 | 3051 | 6164 | 6681 | 7216 | |
| 127 | 534 | 967 | 1347 | 1738 | 2066 | 2405 | 2729 | 3052 | 6165 | 6683 | 7217 | |
| 128 | 535 | 968 | 1348 | 1739 | 2069 | 2406 | 2730 | 3053 | 6168 | 6684 | 7218 | |
| 129 | 536 | 969 | 1349 | 1741 | 2070 | 2407 | 2731 | 3054 | 6169 | 6685 | 7220 | |
| 130 | 537 | 970 | 1350 | 1742 | 2071 | 2408 | 2732 | 3055 | 6171 | 6686 | 7221 | |
| 131 | 538 | 971 | 1351 | 1743 | 2072 | 2409 | 2733 | 3056 | 6172 | 6687 | 7222 | |
| 132 | 539 | 972 | 1354 | 1744 | 2074 | 2410 | 2734 | 3057 | 6173 | 6688 | 7226 | |
| 133 | 540 | 973 | 1359 | 1745 | 2075 | 2411 | 2735 | 3058 | 6174 | 6690 | 7227 | |
| 134 | 541 | 974 | 1362 | 1747 | 2076 | 2412 | 2736 | 3059 | 6175 | 6691 | 7228 | |
| 135 | 542 | 975 | 1365 | 1748 | 2079 | 2413 | 2737 | 3060 | 6176 | 6692 | 7230 | |
| 136 | 543 | 976 | 1366 | 1750 | 2080 | 2414 | 2738 | 3061 | 6177 | 6693 | 7232 | |
| 137 | 544 | 977 | 1369 | 1751 | 2081 | 2415 | 2739 | 3062 | 6178 | 6695 | 7236 | |
| 138 | 545 | 978 | 1370 | 1752 | 2082 | 2416 | 2740 | 3063 | 6179 | 6698 | 7240 | |
| 139 | 546 | 979 | 1371 | 1753 | 2084 | 2417 | 2741 | 3064 | 6180 | 6705 | 7242 | |
| 140 | 547 | 980 | 1372 | 1754 | 2086 | 2418 | 2742 | 3065 | 6181 | 6706 | 7243 | |
| 141 | 548 | 981 | 1373 | 1755 | 2089 | 2419 | 2743 | 3066 | 6182 | 6708 | 7244 | |

【１３４２】

【表Ｄ４－５】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 142 | 549 | 982 | 1374 | 1756 | 2090 | 2420 | 2744 | 3067 | 6184 | 6709 | 7246 | |
| 143 | 550 | 983 | 1375 | 1757 | 2091 | 2422 | 2745 | 3070 | 6185 | 6713 | 7247 | |
| 144 | 553 | 984 | 1376 | 1758 | 2092 | 2423 | 2746 | 3071 | 6188 | 6715 | 7250 | |
| 145 | 554 | 985 | 1377 | 1759 | 2093 | 2424 | 2747 | 3072 | 6189 | 6716 | 7251 | |
| 146 | 555 | 986 | 1378 | 1760 | 2094 | 2425 | 2748 | 3073 | 6190 | 6717 | 7252 | |
| 147 | 556 | 987 | 1379 | 1761 | 2095 | 2426 | 2750 | 3074 | 6191 | 6718 | 7253 | |
| 148 | 557 | 988 | 1380 | 1762 | 2096 | 2427 | 2751 | 3075 | 6193 | 6719 | 7255 | |
| 149 | 558 | 989 | 1381 | 1764 | 2097 | 2431 | 2752 | 3076 | 6196 | 6720 | 7258 | |
| 150 | 559 | 990 | 1382 | 1765 | 2098 | 2436 | 2753 | 3077 | 6197 | 6722 | 7260 | |
| 151 | 560 | 991 | 1383 | 1766 | 2099 | 2438 | 2754 | 3078 | 6200 | 6724 | 7261 | |
| 153 | 561 | 992 | 1384 | 1767 | 2100 | 2440 | 2755 | 3079 | 6201 | 6726 | 7262 | |
| 154 | 562 | 993 | 1385 | 1769 | 2101 | 2441 | 2756 | 3080 | 6203 | 6728 | 7263 | |
| 155 | 563 | 994 | 1386 | 1770 | 2102 | 2442 | 2757 | 3081 | 6204 | 6730 | 7264 | |
| 156 | 565 | 996 | 1387 | 1771 | 2103 | 2443 | 2758 | 3082 | 6205 | 6731 | 7266 | |
| 157 | 566 | 997 | 1388 | 1772 | 2104 | 2444 | 2759 | 3083 | 6207 | 6732 | 7267 | |
| 158 | 567 | 999 | 1389 | 1773 | 2105 | 2445 | 2760 | 3084 | 6208 | 6733 | 7273 | |
| 159 | 568 | 1000 | 1390 | 1774 | 2106 | 2446 | 2761 | 3085 | 6215 | 6736 | 7274 | |
| 160 | 570 | 1001 | 1391 | 1775 | 2107 | 2447 | 2762 | 3086 | 6216 | 6738 | 7275 | |
| 161 | 571 | 1003 | 1392 | 1776 | 2108 | 2448 | 2763 | 3087 | 6218 | 6744 | 7276 | |
| 162 | 572 | 1004 | 1393 | 1777 | 2109 | 2449 | 2764 | 3088 | 6219 | 6746 | 7281 | |
| 163 | 575 | 1006 | 1394 | 1778 | 2111 | 2450 | 2765 | 3089 | 6223 | 6750 | 7282 | |
| 164 | 581 | 1007 | 1395 | 1779 | 2112 | 2451 | 2766 | 3090 | 6227 | 6751 | 7284 | |
| 165 | 583 | 1008 | 1396 | 1780 | 2113 | 2452 | 2767 | 3091 | 6234 | 6754 | 7286 | |
| 166 | 584 | 1009 | 1397 | 1781 | 2114 | 2453 | 2768 | 3092 | 6235 | 6756 | 7288 | |
| 167 | 585 | 1010 | 1398 | 1782 | 2115 | 2454 | 2769 | 3093 | 6236 | 6757 | 7291 | |
| 168 | 587 | 1011 | 1399 | 1783 | 2116 | 2455 | 2771 | 3094 | 6237 | 6758 | 7292 | |
| 169 | 589 | 1012 | 1400 | 1784 | 2117 | 2456 | 2772 | 3096 | 6240 | 6760 | 7293 | |
| 170 | 590 | 1013 | 1401 | 1785 | 2118 | 2457 | 2773 | 3097 | 6244 | 6761 | 7294 | |
| 171 | 591 | 1014 | 1402 | 1786 | 2119 | 2458 | 2774 | 3098 | 6247 | 6762 | 7297 | |
| 172 | 592 | 1015 | 1403 | 1787 | 2120 | 2459 | 2775 | 3099 | 6248 | 6765 | 7298 | |
| 173 | 593 | 1016 | 1404 | 1788 | 2121 | 2460 | 2776 | 3100 | 6250 | 6772 | 7299 | |
| 174 | 594 | 1017 | 1405 | 1789 | 2122 | 2461 | 2778 | 3101 | 6253 | 6773 | 7301 | |
| 175 | 595 | 1018 | 1406 | 1790 | 2123 | 2462 | 2779 | 3102 | 6254 | 6774 | 7302 | |
| 176 | 596 | 1019 | 1407 | 1792 | 2125 | 2463 | 2780 | 3103 | 6255 | 6776 | 7303 | |
| 178 | 597 | 1020 | 1408 | 1793 | 2126 | 2464 | 2781 | 3104 | 6257 | 6777 | 7305 | |
| 179 | 598 | 1021 | 1409 | 1794 | 2128 | 2465 | 2782 | 3107 | 6258 | 6778 | 7306 | |
| 180 | 599 | 1022 | 1410 | 1795 | 2129 | 2466 | 2783 | 3108 | 6263 | 6782 | 7307 | |
| 181 | 600 | 1023 | 1411 | 1796 | 2130 | 2467 | 2784 | 3109 | 6264 | 6783 | 7311 | |
| 182 | 601 | 1024 | 1412 | 1797 | 2132 | 2468 | 2785 | 3110 | 6265 | 6784 | 7312 | |
| 183 | 602 | 1025 | 1413 | 1799 | 2133 | 2469 | 2786 | 3111 | 6266 | 6785 | 7313 | |
| 184 | 604 | 1026 | 1414 | 1800 | 2135 | 2470 | 2787 | 3112 | 6267 | 6786 | 7317 | |

【１３４３】

【表Ｄ４－６】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 185 | 605 | 1027 | 1415 | 1801 | 2136 | 2471 | 2788 | 3113 | 6268 | 6788 | 7320 | |
| 186 | 606 | 1028 | 1416 | 1802 | 2137 | 2472 | 2789 | 3114 | 6269 | 6792 | 7322 | |
| 187 | 607 | 1029 | 1417 | 1803 | 2138 | 2473 | 2790 | 3115 | 6271 | 6793 | 7323 | |
| 188 | 610 | 1030 | 1418 | 1804 | 2140 | 2474 | 2791 | 3116 | 6272 | 6794 | 7326 | |
| 190 | 611 | 1031 | 1419 | 1805 | 2141 | 2476 | 2792 | 3117 | 6273 | 6795 | 7327 | |
| 191 | 614 | 1032 | 1420 | 1806 | 2142 | 2477 | 2793 | 3118 | 6275 | 6796 | 7328 | |
| 192 | 616 | 1033 | 1421 | 1808 | 2143 | 2478 | 2794 | 3119 | 6277 | 6797 | 7329 | |
| 194 | 617 | 1034 | 1422 | 1809 | 2144 | 2479 | 2795 | 3120 | 6278 | 6798 | 7331 | |
| 195 | 618 | 1035 | 1423 | 1810 | 2145 | 2480 | 2796 | 3121 | 6279 | 6800 | 7335 | |
| 196 | 624 | 1036 | 1424 | 1811 | 2146 | 2481 | 2797 | 3122 | 6280 | 6801 | 7336 | |
| 197 | 625 | 1037 | 1425 | 1812 | 2147 | 2482 | 2798 | 3123 | 6281 | 6802 | 7339 | |
| 198 | 628 | 1038 | 1426 | 1813 | 2148 | 2483 | 2799 | 3124 | 6282 | 6803 | 7342 | |
| 199 | 631 | 1039 | 1427 | 1815 | 2149 | 2484 | 2800 | 3125 | 6284 | 6808 | 7343 | |
| 200 | 633 | 1040 | 1428 | 1816 | 2150 | 2485 | 2801 | 3126 | 6285 | 6809 | 7345 | |
| 201 | 634 | 1041 | 1429 | 1818 | 2151 | 2488 | 2802 | 3127 | 6286 | 6811 | 7346 | |
| 203 | 636 | 1042 | 1430 | 1819 | 2152 | 2489 | 2803 | 3128 | 6287 | 6815 | 7347 | |
| 204 | 645 | 1043 | 1431 | 1824 | 2153 | 2490 | 2804 | 3129 | 6288 | 6822 | 7348 | |
| 205 | 647 | 1044 | 1432 | 1825 | 2154 | 2491 | 2805 | 3130 | 6290 | 6824 | 7349 | |
| 206 | 648 | 1045 | 1433 | 1827 | 2155 | 2492 | 2806 | 3131 | 6292 | 6826 | 7350 | |
| 207 | 649 | 1046 | 1434 | 1828 | 2156 | 2497 | 2807 | 3133 | 6293 | 6827 | 7352 | |
| 208 | 650 | 1047 | 1435 | 1829 | 2158 | 2498 | 2808 | 3134 | 6294 | 6829 | 7357 | |
| 209 | 652 | 1048 | 1436 | 1831 | 2159 | 2501 | 2809 | 3135 | 6298 | 6832 | 7358 | |
| 210 | 653 | 1049 | 1437 | 1834 | 2161 | 2502 | 2810 | 3136 | 6299 | 6833 | 7360 | |
| 211 | 654 | 1050 | 1439 | 1835 | 2162 | 2503 | 2811 | 3138 | 6304 | 6834 | 7361 | |
| 212 | 655 | 1051 | 1440 | 1838 | 2163 | 2504 | 2812 | 3139 | 6305 | 6835 | 7362 | |
| 213 | 656 | 1052 | 1441 | 1840 | 2164 | 2505 | 2813 | 3141 | 6307 | 6837 | 7364 | |
| 214 | 657 | 1053 | 1442 | 1842 | 2165 | 2506 | 2814 | 3142 | 6308 | 6841 | 7368 | |
| 215 | 659 | 1054 | 1443 | 1843 | 2166 | 2507 | 2815 | 3144 | 6309 | 6842 | 7369 | |
| 216 | 661 | 1055 | 1444 | 1844 | 2167 | 2508 | 2816 | 3146 | 6310 | 6845 | 7370 | |
| 217 | 662 | 1056 | 1445 | 1845 | 2168 | 2509 | 2817 | 3152 | 6311 | 6850 | 7371 | |
| 218 | 663 | 1057 | 1446 | 1846 | 2170 | 2510 | 2818 | 3153 | 6312 | 6852 | 7372 | |
| 219 | 664 | 1058 | 1447 | 1847 | 2171 | 2511 | 2819 | 3154 | 6313 | 6855 | 7374 | |
| 220 | 666 | 1059 | 1449 | 1848 | 2172 | 2512 | 2820 | 3155 | 6314 | 6857 | 7375 | |
| 222 | 667 | 1060 | 1450 | 1849 | 2173 | 2513 | 2821 | 3157 | 6315 | 6858 | 7377 | |
| 223 | 668 | 1061 | 1451 | 1850 | 2174 | 2514 | 2822 | 3162 | 6317 | 6859 | 7378 | |
| 225 | 669 | 1062 | 1452 | 1851 | 2175 | 2515 | 2823 | 3166 | 6319 | 6861 | 7379 | |
| 226 | 670 | 1063 | 1455 | 1852 | 2176 | 2516 | 2824 | 3167 | 6320 | 6863 | 7380 | |
| 227 | 673 | 1064 | 1456 | 1853 | 2177 | 2517 | 2825 | 3169 | 6322 | 6864 | 7381 | |
| 228 | 677 | 1065 | 1460 | 1855 | 2178 | 2518 | 2826 | 3171 | 6324 | 6865 | 7384 | |
| 229 | 678 | 1066 | 1462 | 1856 | 2179 | 2519 | 2827 | 3172 | 6325 | 6866 | 7387 | |
| 230 | 679 | 1067 | 1471 | 1857 | 2180 | 2520 | 2828 | 3173 | 6327 | 6867 | 7388 | |

【１３４４】

【表Ｄ４－７】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 232 | 680 | 1068 | 1473 | 1858 | 2182 | 2521 | 2829 | 3175 | 6328 | 6868 | 7389 | |
| 234 | 681 | 1069 | 1475 | 1859 | 2183 | 2522 | 2830 | 3176 | 6329 | 6869 | 7390 | |
| 235 | 687 | 1070 | 1488 | 1860 | 2184 | 2523 | 2831 | 3177 | 6334 | 6870 | 7392 | |
| 236 | 689 | 1071 | 1489 | 1861 | 2185 | 2524 | 2832 | 3180 | 6335 | 6872 | 7393 | |
| 237 | 690 | 1072 | 1491 | 1862 | 2186 | 2525 | 2833 | 3181 | 6339 | 6873 | 7394 | |
| 238 | 692 | 1073 | 1492 | 1863 | 2188 | 2526 | 2834 | 3183 | 6340 | 6874 | 7396 | |
| 239 | 694 | 1074 | 1493 | 1864 | 2189 | 2527 | 2835 | 3184 | 6343 | 6876 | 7397 | |
| 240 | 700 | 1075 | 1497 | 1865 | 2190 | 2528 | 2836 | 3188 | 6344 | 6877 | 7400 | |
| 241 | 702 | 1076 | 1499 | 1866 | 2191 | 2529 | 2837 | 3190 | 6345 | 6878 | 7402 | |
| 242 | 706 | 1077 | 1504 | 1867 | 2192 | 2530 | 2838 | 3196 | 6347 | 6879 | 7403 | |
| 243 | 711 | 1078 | 1505 | 1868 | 2193 | 2531 | 2839 | 3198 | 6349 | 6881 | 7404 | |
| 244 | 715 | 1079 | 1506 | 1869 | 2194 | 2532 | 2840 | 3199 | 6350 | 6882 | 7412 | |
| 245 | 716 | 1080 | 1507 | 1870 | 2195 | 2533 | 2841 | 3201 | 6351 | 6883 | 7413 | |
| 248 | 717 | 1081 | 1508 | 1871 | 2196 | 2534 | 2842 | 3202 | 6352 | 6885 | 7415 | |
| 249 | 720 | 1082 | 1510 | 1872 | 2197 | 2535 | 2843 | 3203 | 6353 | 6886 | 7416 | |
| 251 | 724 | 1083 | 1513 | 1873 | 2198 | 2536 | 2844 | 3204 | 6355 | 6890 | 7417 | |
| 252 | 726 | 1084 | 1515 | 1874 | 2199 | 2537 | 2845 | 3205 | 6356 | 6891 | 7418 | |
| 253 | 727 | 1085 | 1519 | 1875 | 2200 | 2538 | 2846 | 3206 | 6358 | 6892 | 7419 | |
| 254 | 729 | 1086 | 1521 | 1876 | 2201 | 2539 | 2847 | 3207 | 6359 | 6894 | 7424 | |
| 255 | 731 | 1087 | 1523 | 1877 | 2202 | 2540 | 2848 | 3208 | 6360 | 6896 | 7430 | |
| 256 | 738 | 1088 | 1524 | 1878 | 2204 | 2541 | 2849 | 3209 | 6363 | 6897 | 7431 | |
| 257 | 739 | 1089 | 1527 | 1879 | 2205 | 2542 | 2850 | 3211 | 6364 | 6898 | 7433 | |
| 258 | 740 | 1090 | 1529 | 1880 | 2206 | 2543 | 2851 | 3213 | 6366 | 6902 | 7434 | |
| 259 | 745 | 1091 | 1531 | 1881 | 2207 | 2544 | 2852 | 3214 | 6367 | 6906 | 7435 | |
| 261 | 747 | 1092 | 1539 | 1882 | 2210 | 2545 | 2853 | 3219 | 6370 | 6907 | 7436 | |
| 262 | 755 | 1093 | 1540 | 1883 | 2211 | 2546 | 2854 | 3220 | 6374 | 6908 | 7441 | |
| 263 | 756 | 1094 | 1541 | 1884 | 2212 | 2547 | 2855 | 3223 | 6377 | 6910 | 7442 | |
| 264 | 759 | 1095 | 1542 | 1885 | 2213 | 2548 | 2856 | 3225 | 6378 | 6911 | 7443 | |
| 265 | 765 | 1097 | 1543 | 1886 | 2214 | 2549 | 2857 | 3228 | 6380 | 6915 | 7444 | |
| 268 | 766 | 1103 | 1544 | 1887 | 2218 | 2550 | 2858 | 3233 | 6381 | 6917 | 7445 | |
| 269 | 767 | 1110 | 1545 | 1888 | 2219 | 2551 | 2859 | 3235 | 6384 | 6919 | 7448 | |
| 270 | 768 | 1115 | 1546 | 1889 | 2222 | 2552 | 2860 | 3240 | 6389 | 6920 | 7449 | |
| 271 | 769 | 1116 | 1547 | 1890 | 2223 | 2553 | 2861 | 3247 | 6390 | 6923 | 7450 | |
| 272 | 770 | 1117 | 1548 | 1891 | 2224 | 2554 | 2862 | 3248 | 6393 | 6925 | 7452 | |
| 273 | 771 | 1118 | 1549 | 1892 | 2225 | 2555 | 2864 | 3251 | 6394 | 6928 | 7453 | |
| 274 | 772 | 1119 | 1550 | 1893 | 2226 | 2556 | 2865 | 3252 | 6395 | 6930 | 7455 | |
| 275 | 773 | 1120 | 1551 | 1894 | 2227 | 2557 | 2866 | 3253 | 6396 | 6931 | 7458 | |
| 276 | 774 | 1121 | 1552 | 1895 | 2228 | 2558 | 2867 | 3254 | 6397 | 6932 | 7461 | |
| 277 | 775 | 1122 | 1553 | 1896 | 2229 | 2559 | 2868 | 3256 | 6402 | 6933 | 7466 | |
| 278 | 776 | 1124 | 1554 | 1897 | 2230 | 2560 | 2869 | 3259 | 6403 | 6934 | 7469 | |
| 279 | 780 | 1126 | 1555 | 1898 | 2231 | 2561 | 2870 | 3260 | 6407 | 6939 | 7471 | |

【１３４５】

【表Ｄ４－８】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 280 | 782 | 1131 | 1556 | 1899 | 2232 | 2562 | 2871 | 3261 | 6409 | 6942 | 7472 | |
| 281 | 783 | 1134 | 1557 | 1900 | 2233 | 2563 | 2872 | 3262 | 6410 | 6943 | 7473 | |
| 283 | 784 | 1136 | 1558 | 1901 | 2234 | 2564 | 2873 | 3263 | 6411 | 6944 | 7474 | |
| 284 | 789 | 1137 | 1559 | 1902 | 2235 | 2565 | 2874 | 3264 | 6412 | 6948 | 7476 | |
| 285 | 790 | 1138 | 1560 | 1903 | 2236 | 2566 | 2875 | 3266 | 6415 | 6950 | 7477 | |
| 286 | 797 | 1139 | 1561 | 1904 | 2237 | 2567 | 2876 | 3268 | 6417 | 6951 | 7479 | |
| 287 | 798 | 1140 | 1563 | 1905 | 2238 | 2568 | 2877 | 3269 | 6418 | 6952 | 7483 | |
| 290 | 799 | 1141 | 1564 | 1906 | 2239 | 2569 | 2878 | 3270 | 6419 | 6954 | 7485 | |
| 293 | 800 | 1142 | 1565 | 1907 | 2240 | 2570 | 2880 | 3272 | 6420 | 6961 | 7488 | |
| 294 | 801 | 1143 | 1566 | 1908 | 2241 | 2571 | 2881 | 3276 | 6421 | 6965 | 7489 | |
| 295 | 802 | 1144 | 1567 | 1909 | 2242 | 2572 | 2882 | 3277 | 6423 | 6966 | 7493 | |
| 296 | 803 | 1145 | 1568 | 1910 | 2244 | 2573 | 2884 | 3279 | 6424 | 6968 | 7496 | |
| 297 | 804 | 1146 | 1570 | 1911 | 2245 | 2574 | 2885 | 3282 | 6425 | 6969 | 7497 | |
| 298 | 805 | 1147 | 1571 | 1912 | 2246 | 2575 | 2886 | 3283 | 6426 | 6972 | 7499 | |
| 300 | 806 | 1148 | 1572 | 1913 | 2247 | 2576 | 2887 | 3286 | 6427 | 6974 | 7500 | |
| 301 | 807 | 1149 | 1573 | 1914 | 2248 | 2577 | 2888 | 3294 | 6431 | 6978 | 7501 | |
| 302 | 808 | 1150 | 1574 | 1915 | 2249 | 2578 | 2889 | 3296 | 6432 | 6979 | 7502 | |
| 303 | 809 | 1151 | 1575 | 1916 | 2250 | 2579 | 2890 | 3298 | 6433 | 6980 | 7507 | |
| 304 | 810 | 1152 | 1576 | 1917 | 2251 | 2580 | 2891 | 3300 | 6434 | 6982 | 7508 | |
| 305 | 811 | 1153 | 1577 | 1918 | 2252 | 2581 | 2892 | 3302 | 6435 | 6984 | 7509 | |
| 306 | 812 | 1154 | 1578 | 1920 | 2253 | 2582 | 2893 | 3303 | 6439 | 6985 | 7510 | |
| 308 | 813 | 1155 | 1579 | 1921 | 2254 | 2583 | 2894 | 3305 | 6440 | 6990 | 7511 | |
| 309 | 814 | 1156 | 1580 | 1922 | 2255 | 2584 | 2895 | 3306 | 6441 | 6993 | 7513 | |
| 310 | 815 | 1157 | 1581 | 1923 | 2256 | 2585 | 2896 | 3310 | 6442 | 6998 | 7515 | |
| 312 | 816 | 1158 | 1582 | 1924 | 2257 | 2586 | 2897 | 3313 | 6443 | 6999 | 7516 | |
| 313 | 817 | 1159 | 1583 | 1925 | 2259 | 2587 | 2898 | 3315 | 6444 | 7001 | 7518 | |
| 315 | 818 | 1160 | 1584 | 1926 | 2260 | 2588 | 2900 | 3316 | 6445 | 7003 | 7519 | |
| 316 | 819 | 1161 | 1585 | 1927 | 2261 | 2589 | 2901 | 3318 | 6449 | 7005 | 7520 | |
| 317 | 820 | 1162 | 1588 | 1928 | 2262 | 2590 | 2903 | 3323 | 6451 | 7006 | 7523 | |
| 318 | 821 | 1163 | 1590 | 1929 | 2263 | 2591 | 2904 | 3326 | 6453 | 7008 | 7525 | |
| 319 | 822 | 1164 | 1592 | 1931 | 2264 | 2592 | 2905 | 3329 | 6454 | 7009 | 7526 | |
| 320 | 823 | 1165 | 1593 | 1932 | 2265 | 2593 | 2906 | 4501 | 6455 | 7012 | 7529 | |
| 321 | 824 | 1166 | 1594 | 1934 | 2266 | 2594 | 2907 | 4502 | 6456 | 7013 | 7530 | |
| 322 | 825 | 1167 | 1597 | 1935 | 2268 | 2595 | 2908 | 4503 | 6457 | 7014 | 7532 | |
| 323 | 826 | 1168 | 1598 | 1936 | 2270 | 2596 | 2909 | 4504 | 6458 | 7015 | 7536 | |
| 324 | 827 | 1169 | 1599 | 1937 | 2271 | 2597 | 2910 | 4505 | 6459 | 7017 | 7537 | |
| 325 | 828 | 1170 | 1600 | 1938 | 2272 | 2598 | 2911 | 4506 | 6460 | 7021 | 7538 | |
| 327 | 829 | 1171 | 1604 | 1939 | 2273 | 2599 | 2912 | 4507 | 6461 | 7023 | 7540 | |
| 328 | 830 | 1172 | 1605 | 1940 | 2274 | 2600 | 2913 | 4508 | 6462 | 7024 | 7541 | |
| 329 | 831 | 1173 | 1606 | 1941 | 2275 | 2601 | 2914 | 4509 | 6465 | 7025 | 7545 | |
| 330 | 832 | 1174 | 1607 | 1942 | 2276 | 2602 | 2915 | 4510 | 6467 | 7026 | 7547 | |

【１３４６】

【表Ｄ４－９】

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 331 | 833 | 1176 | 1608 | 1943 | 2277 | 2603 | 2916 | 4511 | 6469 | 7027 | 7548 | |
| 332 | 834 | 1177 | 1610 | 1944 | 2278 | 2604 | 2917 | 4512 | 6474 | 7030 | 7549 | |
| 333 | 835 | 1178 | 1611 | 1945 | 2279 | 2605 | 2918 | 4513 | 6476 | 7031 | 7550 | |
| 334 | 836 | 1181 | 1612 | 1946 | 2280 | 2606 | 2919 | 4514 | 6477 | 7033 | 7555 | |
| 335 | 837 | 1182 | 1616 | 1947 | 2281 | 2607 | 2920 | 4515 | 6478 | 7034 | 7556 | |
| 336 | 839 | 1184 | 1617 | 1948 | 2282 | 2608 | 2921 | 4516 | 6479 | 7035 | 7558 | |
| 337 | 840 | 1185 | 1618 | 1949 | 2286 | 2610 | 2922 | 4517 | 6480 | 7036 | 7560 | |
| 338 | 841 | 1186 | 1619 | 1950 | 2287 | 2611 | 2923 | 4518 | 6486 | 7037 | 7562 | |
| 339 | 842 | 1187 | 1620 | 1951 | 2288 | 2612 | 2925 | 4519 | 6488 | 7038 | 7565 | |
| 340 | 843 | 1188 | 1621 | 1952 | 2289 | 2613 | 2926 | 4520 | 6491 | 7040 | 7566 | |
| 341 | 844 | 1190 | 1622 | 1953 | 2291 | 2614 | 2927 | 4521 | 6492 | 7043 | 7567 | |
| 342 | 845 | 1193 | 1623 | 1954 | 2293 | 2615 | 2928 | 4522 | 6493 | 7045 | 7569 | |

【１３４７】

配列決定ライブラリーを、Ｕ２ＯＳ細胞内での試験鋳型ｇ１０（条件４）から抽出された元のＤＮＡについて再生成し、ゲノム編集活性の分析への組み込みが可能な新たなデー

タセットを得た。拡張された分析は、条件１、２、３、及び４の全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約２００の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの全ての条件において編集活性を有していたことを示す。これらは、以下の表Ｄ５に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３４８】

【表Ｄ５】

表D5. 条件1、2、3、及び4の全てにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 1012 | 1415 | 2309 | 2515 | 2675 | 2928 |
| 36 | 1016 | 1419 | 2314 | 2519 | 2681 | 2932 |
| 37 | 1017 | 1422 | 2316 | 2526 | 2731 | 2937 |
| 39 | 1018 | 1666 | 2319 | 2536 | 2780 | 2943 |
| 123 | 1019 | 1686 | 2322 | 2542 | 2782 | 2948 |
| 140 | 1022 | 1690 | 2325 | 2544 | 2784 | 2950 |
| 142 | 1023 | 1691 | 2326 | 2551 | 2787 | 3053 |
| 190 | 1029 | 1863 | 2327 | 2556 | 2789 | 3059 |
| 192 | 1038 | 1870 | 2328 | 2566 | 2791 | 3067 |
| 232 | 1052 | 1937 | 2329 | 2578 | 2800 | 3076 |
| 252 | 1059 | 1939 | 2331 | 2585 | 2801 | 3093 |
| 303 | 1061 | 1940 | 2338 | 2592 | 2802 | 3108 |
| 316 | 1137 | 1942 | 2342 | 2610 | 2804 | 3111 |
| 332 | 1198 | 1953 | 2347 | 2611 | 2813 | 3116 |
| 386 | 1210 | 1961 | 2353 | 2612 | 2817 | 3120 |
| 647 | 1225 | 1968 | 2363 | 2615 | 2826 | 3121 |
| 800 | 1242 | 1970 | 2364 | 2618 | 2833 | 3124 |
| 804 | 1371 | 1976 | 2365 | 2623 | 2835 | 3126 |
| 876 | 1374 | 1978 | 2371 | 2624 | 2838 | 3130 |
| 878 | 1375 | 2048 | 2382 | 2627 | 2865 | 4514 |
| 880 | 1376 | 2086 | 2395 | 2629 | 2874 | 4519 |
| 884 | 1382 | 2093 | 2403 | 2632 | 2877 | 4522 |
| 901 | 1383 | 2137 | 2449 | 2633 | 2887 | 6761 |
| 915 | 1384 | 2172 | 2504 | 2636 | 2888 | 6925 |
| 929 | 1385 | 2174 | 2505 | 2638 | 2890 | 7067 |
| 961 | 1390 | 2300 | 2508 | 2639 | 2901 | |
| 964 | 1394 | 2301 | 2510 | 2644 | 2904 | |
| 967 | 1397 | 2302 | 2511 | 2647 | 2909 | |
| 1006 | 1400 | 2303 | 2512 | 2666 | 2922 | |

【１３４９】

ライブラリー内の約４０３０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、この更なる分析を用いて、条件１、２、３、又は４のいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの少なくとも１つの分析される条件において編集活性を有していたことを示す。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ６に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３５０】

【表Ｄ６－１】

表D6. 条件1、2、3、又は4のいずれか1つにおいて.少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 486 | 1065 | 1642 | 2097 | 2560 | 2994 | 6192 | 6784 | 7361 |
| 2 | 488 | 1066 | 1644 | 2098 | 2561 | 2995 | 6193 | 6785 | 7362 |
| 3 | 489 | 1067 | 1645 | 2099 | 2562 | 2997 | 6195 | 6786 | 7364 |
| 4 | 495 | 1068 | 1646 | 2100 | 2563 | 2998 | 6196 | 6787 | 7368 |
| 5 | 499 | 1069 | 1648 | 2101 | 2564 | 2999 | 6197 | 6788 | 7369 |
| 6 | 502 | 1070 | 1649 | 2102 | 2565 | 3001 | 6200 | 6791 | 7370 |
| 7 | 503 | 1071 | 1651 | 2103 | 2566 | 3002 | 6201 | 6792 | 7371 |
| 9 | 504 | 1072 | 1652 | 2104 | 2567 | 3003 | 6203 | 6793 | 7372 |
| 10 | 510 | 1073 | 1653 | 2105 | 2568 | 3004 | 6204 | 6794 | 7374 |
| 12 | 517 | 1074 | 1654 | 2106 | 2569 | 3005 | 6205 | 6795 | 7375 |
| 13 | 522 | 1075 | 1655 | 2107 | 2570 | 3006 | 6206 | 6796 | 7377 |
| 14 | 523 | 1076 | 1656 | 2108 | 2571 | 3007 | 6207 | 6797 | 7378 |
| 17 | 524 | 1077 | 1657 | 2109 | 2572 | 3008 | 6208 | 6798 | 7379 |
| 18 | 527 | 1078 | 1658 | 2110 | 2573 | 3009 | 6210 | 6799 | 7380 |

【１３５１】

【表Ｄ６－２】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 19 | 532 | 1079 | 1659 | 2111 | 2574 | 3010 | 6212 | 6800 | 7381 |
| 22 | 534 | 1080 | 1660 | 2112 | 2575 | 3011 | 6213 | 6801 | 7382 |
| 24 | 535 | 1081 | 1661 | 2113 | 2576 | 3012 | 6214 | 6802 | 7384 |
| 28 | 536 | 1082 | 1662 | 2114 | 2577 | 3013 | 6215 | 6803 | 7386 |
| 33 | 537 | 1083 | 1663 | 2115 | 2578 | 3014 | 6216 | 6804 | 7387 |
| 34 | 538 | 1084 | 1664 | 2116 | 2579 | 3015 | 6217 | 6805 | 7388 |
| 35 | 539 | 1085 | 1665 | 2117 | 2580 | 3016 | 6218 | 6806 | 7389 |
| 36 | 540 | 1086 | 1666 | 2118 | 2581 | 3018 | 6219 | 6807 | 7390 |
| 37 | 541 | 1087 | 1667 | 2119 | 2582 | 3019 | 6222 | 6808 | 7391 |
| 38 | 542 | 1088 | 1668 | 2120 | 2583 | 3020 | 6223 | 6809 | 7392 |
| 39 | 543 | 1089 | 1669 | 2121 | 2584 | 3021 | 6226 | 6810 | 7393 |
| 40 | 544 | 1090 | 1670 | 2122 | 2585 | 3022 | 6227 | 6811 | 7394 |
| 41 | 545 | 1091 | 1671 | 2123 | 2586 | 3023 | 6229 | 6814 | 7396 |
| 42 | 546 | 1092 | 1672 | 2125 | 2587 | 3025 | 6234 | 6815 | 7397 |
| 43 | 547 | 1093 | 1673 | 2126 | 2588 | 3026 | 6235 | 6820 | 7398 |
| 44 | 548 | 1094 | 1674 | 2127 | 2589 | 3027 | 6236 | 6822 | 7400 |
| 45 | 549 | 1095 | 1675 | 2128 | 2590 | 3028 | 6237 | 6824 | 7402 |
| 46 | 550 | 1097 | 1676 | 2129 | 2591 | 3029 | 6239 | 6826 | 7403 |
| 47 | 553 | 1103 | 1677 | 2130 | 2592 | 3030 | 6240 | 6827 | 7404 |
| 48 | 554 | 1110 | 1678 | 2132 | 2593 | 3031 | 6241 | 6829 | 7406 |
| 49 | 555 | 1115 | 1679 | 2133 | 2594 | 3032 | 6243 | 6830 | 7409 |
| 50 | 556 | 1116 | 1680 | 2134 | 2595 | 3033 | 6244 | 6832 | 7412 |
| 51 | 557 | 1117 | 1681 | 2135 | 2596 | 3034 | 6245 | 6833 | 7413 |
| 52 | 558 | 1118 | 1682 | 2136 | 2597 | 3035 | 6247 | 6834 | 7414 |
| 53 | 559 | 1119 | 1683 | 2137 | 2598 | 3036 | 6248 | 6835 | 7415 |
| 54 | 560 | 1120 | 1684 | 2138 | 2599 | 3037 | 6249 | 6836 | 7416 |
| 55 | 561 | 1121 | 1685 | 2139 | 2600 | 3038 | 6250 | 6837 | 7417 |
| 56 | 562 | 1122 | 1686 | 2140 | 2601 | 3039 | 6253 | 6838 | 7418 |
| 57 | 563 | 1124 | 1687 | 2141 | 2602 | 3040 | 6254 | 6841 | 7419 |
| 58 | 564 | 1126 | 1688 | 2142 | 2603 | 3041 | 6255 | 6842 | 7420 |
| 59 | 565 | 1131 | 1689 | 2143 | 2604 | 3042 | 6257 | 6843 | 7424 |
| 60 | 566 | 1134 | 1690 | 2144 | 2605 | 3043 | 6258 | 6844 | 7426 |
| 61 | 567 | 1136 | 1691 | 2145 | 2606 | 3044 | 6261 | 6845 | 7427 |
| 62 | 568 | 1137 | 1692 | 2146 | 2607 | 3045 | 6263 | 6846 | 7428 |
| 63 | 570 | 1138 | 1693 | 2147 | 2608 | 3046 | 6264 | 6847 | 7430 |
| 64 | 571 | 1139 | 1694 | 2148 | 2610 | 3047 | 6265 | 6848 | 7431 |
| 65 | 572 | 1140 | 1695 | 2149 | 2611 | 3048 | 6266 | 6849 | 7432 |
| 66 | 575 | 1141 | 1696 | 2150 | 2612 | 3049 | 6267 | 6850 | 7433 |
| 67 | 581 | 1142 | 1697 | 2151 | 2613 | 3050 | 6268 | 6851 | 7434 |
| 68 | 583 | 1143 | 1698 | 2152 | 2614 | 3051 | 6269 | 6852 | 7435 |
| 69 | 584 | 1144 | 1699 | 2153 | 2615 | 3052 | 6271 | 6853 | 7436 |

【１３５２】

【表Ｄ６－３】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 70 | 585 | 1145 | 1700 | 2154 | 2616 | 3053 | 6272 | 6854 | 7438 |
| 71 | 587 | 1146 | 1701 | 2155 | 2617 | 3054 | 6273 | 6855 | 7441 |
| 72 | 589 | 1147 | 1702 | 2156 | 2618 | 3055 | 6275 | 6857 | 7442 |
| 73 | 590 | 1148 | 1703 | 2158 | 2619 | 3056 | 6277 | 6858 | 7443 |
| 74 | 591 | 1149 | 1704 | 2159 | 2620 | 3057 | 6278 | 6859 | 7444 |
| 75 | 592 | 1150 | 1705 | 2161 | 2621 | 3058 | 6279 | 6860 | 7445 |
| 76 | 593 | 1151 | 1706 | 2162 | 2622 | 3059 | 6280 | 6861 | 7446 |
| 77 | 594 | 1152 | 1707 | 2163 | 2623 | 3060 | 6281 | 6863 | 7448 |
| 78 | 595 | 1153 | 1708 | 2164 | 2624 | 3061 | 6282 | 6864 | 7449 |
| 79 | 596 | 1154 | 1709 | 2165 | 2625 | 3062 | 6284 | 6865 | 7450 |
| 80 | 597 | 1155 | 1710 | 2166 | 2626 | 3063 | 6285 | 6866 | 7451 |
| 81 | 598 | 1156 | 1711 | 2167 | 2627 | 3064 | 6286 | 6867 | 7452 |
| 82 | 599 | 1157 | 1712 | 2168 | 2628 | 3065 | 6287 | 6868 | 7453 |
| 83 | 600 | 1158 | 1713 | 2170 | 2629 | 3066 | 6288 | 6869 | 7455 |
| 84 | 601 | 1159 | 1714 | 2171 | 2630 | 3067 | 6290 | 6870 | 7457 |
| 85 | 602 | 1160 | 1715 | 2172 | 2631 | 3068 | 6292 | 6871 | 7458 |
| 86 | 604 | 1161 | 1716 | 2173 | 2632 | 3070 | 6293 | 6872 | 7461 |
| 87 | 605 | 1162 | 1717 | 2174 | 2633 | 3071 | 6294 | 6873 | 7462 |
| 88 | 606 | 1163 | 1718 | 2175 | 2634 | 3072 | 6295 | 6874 | 7464 |
| 89 | 607 | 1164 | 1719 | 2176 | 2635 | 3073 | 6298 | 6876 | 7466 |
| 90 | 610 | 1165 | 1720 | 2177 | 2636 | 3074 | 6299 | 6877 | 7467 |
| 91 | 611 | 1166 | 1721 | 2178 | 2637 | 3075 | 6302 | 6878 | 7469 |
| 92 | 614 | 1167 | 1722 | 2179 | 2638 | 3076 | 6304 | 6879 | 7470 |
| 94 | 616 | 1168 | 1723 | 2180 | 2639 | 3077 | 6305 | 6880 | 7471 |
| 95 | 617 | 1169 | 1724 | 2181 | 2640 | 3078 | 6306 | 6881 | 7472 |
| 96 | 618 | 1170 | 1725 | 2182 | 2641 | 3079 | 6307 | 6882 | 7473 |
| 97 | 624 | 1171 | 1726 | 2183 | 2642 | 3080 | 6308 | 6883 | 7474 |
| 98 | 625 | 1172 | 1728 | 2184 | 2643 | 3081 | 6309 | 6885 | 7475 |
| 99 | 626 | 1173 | 1729 | 2185 | 2644 | 3082 | 6310 | 6886 | 7476 |
| 100 | 628 | 1174 | 1730 | 2186 | 2645 | 3083 | 6311 | 6890 | 7477 |
| 101 | 631 | 1176 | 1731 | 2188 | 2646 | 3084 | 6312 | 6891 | 7479 |
| 102 | 632 | 1177 | 1733 | 2189 | 2647 | 3085 | 6313 | 6892 | 7483 |
| 103 | 633 | 1178 | 1734 | 2190 | 2648 | 3086 | 6314 | 6893 | 7484 |
| 104 | 634 | 1181 | 1735 | 2191 | 2649 | 3087 | 6315 | 6894 | 7485 |
| 105 | 636 | 1182 | 1736 | 2192 | 2650 | 3088 | 6316 | 6895 | 7488 |
| 106 | 640 | 1184 | 1737 | 2193 | 2651 | 3089 | 6317 | 6896 | 7489 |
| 107 | 645 | 1185 | 1738 | 2194 | 2652 | 3090 | 6319 | 6897 | 7491 |
| 108 | 647 | 1186 | 1739 | 2195 | 2653 | 3091 | 6320 | 6898 | 7492 |
| 110 | 648 | 1187 | 1740 | 2196 | 2654 | 3092 | 6321 | 6899 | 7493 |
| 112 | 649 | 1188 | 1741 | 2197 | 2655 | 3093 | 6322 | 6900 | 7494 |
| 113 | 650 | 1190 | 1742 | 2198 | 2656 | 3094 | 6324 | 6902 | 7495 |

【１３５３】

【表Ｄ６－４】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 114 | 652 | 1193 | 1743 | 2199 | 2657 | 3095 | 6325 | 6903 | 7496 |
| 115 | 653 | 1197 | 1744 | 2200 | 2658 | 3096 | 6326 | 6906 | 7497 |
| 116 | 654 | 1198 | 1745 | 2201 | 2659 | 3097 | 6327 | 6907 | 7499 |
| 117 | 655 | 1199 | 1747 | 2202 | 2660 | 3098 | 6328 | 6908 | 7500 |
| 118 | 656 | 1200 | 1748 | 2203 | 2661 | 3099 | 6329 | 6910 | 7501 |
| 119 | 657 | 1201 | 1750 | 2204 | 2662 | 3100 | 6331 | 6911 | 7502 |
| 120 | 659 | 1202 | 1751 | 2205 | 2663 | 3101 | 6334 | 6913 | 7503 |
| 121 | 660 | 1203 | 1752 | 2206 | 2664 | 3102 | 6335 | 6915 | 7505 |
| 122 | 661 | 1204 | 1753 | 2207 | 2665 | 3103 | 6336 | 6917 | 7507 |
| 123 | 662 | 1205 | 1754 | 2210 | 2666 | 3104 | 6337 | 6918 | 7508 |
| 124 | 663 | 1206 | 1755 | 2211 | 2667 | 3105 | 6338 | 6919 | 7509 |
| 125 | 664 | 1207 | 1756 | 2212 | 2668 | 3106 | 6339 | 6920 | 7510 |
| 126 | 666 | 1208 | 1757 | 2213 | 2669 | 3107 | 6340 | 6921 | 7511 |
| 127 | 667 | 1209 | 1758 | 2214 | 2670 | 3108 | 6343 | 6923 | 7512 |
| 128 | 668 | 1210 | 1759 | 2218 | 2671 | 3109 | 6344 | 6924 | 7513 |
| 129 | 669 | 1211 | 1760 | 2219 | 2672 | 3110 | 6345 | 6925 | 7514 |
| 130 | 670 | 1212 | 1761 | 2222 | 2673 | 3111 | 6347 | 6928 | 7515 |
| 131 | 673 | 1213 | 1762 | 2223 | 2674 | 3112 | 6349 | 6929 | 7516 |
| 132 | 677 | 1214 | 1764 | 2224 | 2675 | 3113 | 6350 | 6930 | 7517 |
| 133 | 678 | 1215 | 1765 | 2225 | 2676 | 3114 | 6351 | 6931 | 7518 |
| 134 | 679 | 1216 | 1766 | 2226 | 2677 | 3115 | 6352 | 6932 | 7519 |
| 135 | 680 | 1217 | 1767 | 2227 | 2678 | 3116 | 6353 | 6933 | 7520 |
| 136 | 681 | 1218 | 1769 | 2228 | 2679 | 3117 | 6355 | 6934 | 7521 |
| 137 | 684 | 1219 | 1770 | 2229 | 2680 | 3118 | 6356 | 6939 | 7523 |
| 138 | 687 | 1220 | 1771 | 2230 | 2681 | 3119 | 6357 | 6942 | 7525 |
| 139 | 689 | 1221 | 1772 | 2231 | 2682 | 3120 | 6358 | 6943 | 7526 |
| 140 | 690 | 1222 | 1773 | 2232 | 2683 | 3121 | 6359 | 6944 | 7528 |
| 141 | 692 | 1223 | 1774 | 2233 | 2684 | 3122 | 6360 | 6947 | 7529 |
| 142 | 694 | 1224 | 1775 | 2234 | 2685 | 3123 | 6363 | 6948 | 7530 |
| 143 | 700 | 1225 | 1776 | 2235 | 2686 | 3124 | 6364 | 6950 | 7532 |
| 144 | 702 | 1226 | 1777 | 2236 | 2687 | 3125 | 6366 | 6951 | 7534 |
| 145 | 706 | 1227 | 1778 | 2237 | 2688 | 3126 | 6367 | 6952 | 7535 |
| 146 | 711 | 1228 | 1779 | 2238 | 2689 | 3127 | 6368 | 6953 | 7536 |
| 147 | 715 | 1229 | 1780 | 2239 | 2690 | 3128 | 6369 | 6954 | 7537 |
| 148 | 716 | 1230 | 1781 | 2240 | 2691 | 3129 | 6370 | 6957 | 7538 |
| 149 | 717 | 1231 | 1782 | 2241 | 2692 | 3130 | 6372 | 6961 | 7540 |
| 150 | 719 | 1232 | 1783 | 2242 | 2693 | 3131 | 6374 | 6962 | 7541 |
| 151 | 720 | 1233 | 1784 | 2244 | 2694 | 3132 | 6377 | 6965 | 7542 |
| 152 | 724 | 1234 | 1785 | 2245 | 2695 | 3133 | 6378 | 6966 | 7545 |
| 153 | 726 | 1235 | 1786 | 2246 | 2696 | 3134 | 6379 | 6968 | 7547 |
| 154 | 727 | 1236 | 1787 | 2247 | 2697 | 3135 | 6380 | 6969 | 7548 |

【１３５４】

【表Ｄ６－５】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 155 | 729 | 1237 | 1788 | 2248 | 2698 | 3136 | 6381 | 6970 | 7549 |
| 156 | 731 | 1238 | 1789 | 2249 | 2699 | 3138 | 6383 | 6971 | 7550 |
| 157 | 738 | 1239 | 1790 | 2250 | 2700 | 3139 | 6384 | 6972 | 7555 |
| 158 | 739 | 1240 | 1792 | 2251 | 2701 | 3141 | 6385 | 6973 | 7556 |
| 159 | 740 | 1241 | 1793 | 2252 | 2702 | 3142 | 6389 | 6974 | 7558 |
| 160 | 745 | 1242 | 1794 | 2253 | 2703 | 3144 | 6390 | 6976 | 7560 |
| 161 | 747 | 1243 | 1795 | 2254 | 2704 | 3146 | 6393 | 6978 | 7561 |
| 162 | 755 | 1244 | 1796 | 2255 | 2708 | 3147 | 6394 | 6979 | 7562 |
| 163 | 756 | 1245 | 1797 | 2256 | 2709 | 3152 | 6395 | 6980 | 7563 |
| 164 | 759 | 1246 | 1799 | 2257 | 2710 | 3153 | 6396 | 6982 | 7564 |
| 165 | 765 | 1247 | 1800 | 2259 | 2711 | 3154 | 6397 | 6984 | 7565 |
| 166 | 766 | 1248 | 1801 | 2260 | 2712 | 3155 | 6398 | 6985 | 7566 |
| 167 | 767 | 1249 | 1802 | 2261 | 2713 | 3157 | 6399 | 6989 | 7567 |
| 168 | 768 | 1250 | 1803 | 2262 | 2714 | 3162 | 6400 | 6990 | 7568 |
| 169 | 769 | 1251 | 1804 | 2263 | 2715 | 3163 | 6401 | 6993 | 7569 |
| 170 | 770 | 1252 | 1805 | 2264 | 2716 | 3166 | 6402 | 6996 | 7570 |
| 171 | 771 | 1253 | 1806 | 2265 | 2717 | 3167 | 6403 | 6998 | 7574 |
| 172 | 772 | 1254 | 1808 | 2266 | 2718 | 3169 | 6404 | 6999 | 7575 |
| 173 | 773 | 1255 | 1809 | 2268 | 2719 | 3171 | 6406 | 7001 | 7576 |
| 174 | 774 | 1256 | 1810 | 2270 | 2720 | 3172 | 6407 | 7002 | 7579 |
| 175 | 775 | 1257 | 1811 | 2271 | 2721 | 3173 | 6409 | 7003 | 7580 |
| 176 | 776 | 1258 | 1812 | 2272 | 2722 | 3175 | 6410 | 7004 | 7581 |
| 177 | 780 | 1259 | 1813 | 2273 | 2723 | 3176 | 6411 | 7005 | 7582 |
| 178 | 781 | 1261 | 1815 | 2274 | 2724 | 3177 | 6412 | 7006 | 7585 |
| 179 | 782 | 1262 | 1816 | 2275 | 2725 | 3180 | 6415 | 7007 | 7586 |
| 180 | 783 | 1263 | 1818 | 2276 | 2726 | 3181 | 6417 | 7008 | 7587 |
| 181 | 784 | 1264 | 1819 | 2277 | 2727 | 3183 | 6418 | 7009 | 7588 |
| 182 | 785 | 1265 | 1824 | 2278 | 2728 | 3184 | 6419 | 7012 | 7590 |
| 183 | 789 | 1266 | 1825 | 2279 | 2729 | 3188 | 6420 | 7013 | 7591 |
| 184 | 790 | 1267 | 1827 | 2280 | 2730 | 3190 | 6421 | 7014 | 7592 |
| 185 | 794 | 1268 | 1828 | 2281 | 2731 | 3196 | 6423 | 7015 | 7595 |
| 186 | 797 | 1269 | 1829 | 2282 | 2732 | 3198 | 6424 | 7016 | 7596 |
| 187 | 798 | 1270 | 1831 | 2286 | 2733 | 3199 | 6425 | 7017 | 7597 |
| 188 | 799 | 1271 | 1832 | 2287 | 2734 | 3201 | 6426 | 7020 | 7599 |
| 190 | 800 | 1272 | 1834 | 2288 | 2735 | 3202 | 6427 | 7021 | 7600 |
| 191 | 801 | 1273 | 1835 | 2289 | 2736 | 3203 | 6431 | 7023 | 7603 |
| 192 | 802 | 1274 | 1838 | 2291 | 2737 | 3204 | 6432 | 7024 | 7606 |
| 193 | 803 | 1275 | 1840 | 2293 | 2738 | 3205 | 6433 | 7025 | 7607 |
| 194 | 804 | 1276 | 1842 | 2294 | 2739 | 3206 | 6434 | 7026 | 7610 |
| 195 | 805 | 1277 | 1843 | 2295 | 2740 | 3207 | 6435 | 7027 | 7612 |
| 196 | 806 | 1278 | 1844 | 2299 | 2741 | 3208 | 6437 | 7028 | 7613 |

【１３５５】

【表Ｄ６－６】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 197 | 807 | 1279 | 1845 | 2300 | 2742 | 3209 | 6439 | 7030 | 7615 |
| 198 | 808 | 1280 | 1846 | 2301 | 2743 | 3211 | 6440 | 7031 | 7620 |
| 199 | 809 | 1282 | 1847 | 2302 | 2744 | 3213 | 6441 | 7032 | 7621 |
| 200 | 810 | 1288 | 1848 | 2303 | 2745 | 3214 | 6442 | 7033 | 7622 |
| 201 | 811 | 1290 | 1849 | 2304 | 2746 | 3218 | 6443 | 7034 | 7624 |
| 202 | 812 | 1295 | 1850 | 2305 | 2747 | 3219 | 6444 | 7035 | 7625 |
| 203 | 813 | 1296 | 1851 | 2306 | 2748 | 3220 | 6445 | 7036 | 7626 |
| 204 | 814 | 1298 | 1852 | 2307 | 2750 | 3223 | 6446 | 7037 | 7627 |
| 205 | 815 | 1299 | 1853 | 2308 | 2751 | 3225 | 6448 | 7038 | 7628 |
| 206 | 816 | 1301 | 1855 | 2309 | 2752 | 3228 | 6449 | 7040 | 7629 |
| 207 | 817 | 1302 | 1856 | 2310 | 2753 | 3233 | 6451 | 7043 | 7631 |
| 208 | 818 | 1304 | 1857 | 2311 | 2754 | 3234 | 6453 | 7045 | 7632 |
| 209 | 819 | 1305 | 1858 | 2312 | 2755 | 3235 | 6454 | 7046 | 7633 |
| 210 | 820 | 1308 | 1859 | 2313 | 2756 | 3240 | 6455 | 7047 | 7634 |
| 211 | 821 | 1311 | 1860 | 2314 | 2757 | 3247 | 6456 | 7049 | 7635 |
| 212 | 822 | 1312 | 1861 | 2315 | 2758 | 3248 | 6457 | 7050 | 7636 |
| 213 | 823 | 1314 | 1862 | 2316 | 2759 | 3251 | 6458 | 7051 | 7638 |
| 214 | 824 | 1315 | 1863 | 2317 | 2760 | 3252 | 6459 | 7052 | 7643 |
| 215 | 825 | 1320 | 1864 | 2318 | 2761 | 3253 | 6460 | 7053 | 7644 |
| 216 | 826 | 1322 | 1865 | 2319 | 2762 | 3254 | 6461 | 7054 | 7645 |
| 217 | 827 | 1324 | 1866 | 2320 | 2763 | 3256 | 6462 | 7055 | 7646 |
| 218 | 828 | 1326 | 1867 | 2321 | 2764 | 3259 | 6463 | 7056 | 7649 |
| 219 | 829 | 1327 | 1868 | 2322 | 2765 | 3260 | 6465 | 7058 | 7650 |
| 220 | 830 | 1328 | 1869 | 2323 | 2766 | 3261 | 6467 | 7059 | 7651 |
| 221 | 831 | 1329 | 1870 | 2324 | 2767 | 3262 | 6469 | 7060 | 7652 |
| 222 | 832 | 1338 | 1871 | 2325 | 2768 | 3263 | 6473 | 7062 | 7653 |
| 223 | 833 | 1340 | 1872 | 2326 | 2769 | 3264 | 6474 | 7063 | 7654 |
| 224 | 834 | 1342 | 1873 | 2327 | 2770 | 3265 | 6475 | 7064 | 7656 |
| 225 | 835 | 1346 | 1874 | 2328 | 2771 | 3266 | 6476 | 7065 | 7657 |
| 226 | 836 | 1347 | 1875 | 2329 | 2772 | 3268 | 6477 | 7067 | 7658 |
| 227 | 837 | 1348 | 1876 | 2330 | 2773 | 3269 | 6478 | 7068 | 7659 |
| 228 | 839 | 1349 | 1877 | 2331 | 2774 | 3270 | 6479 | 7070 | 7660 |
| 229 | 840 | 1350 | 1878 | 2332 | 2775 | 3272 | 6480 | 7072 | 7662 |
| 230 | 841 | 1351 | 1879 | 2333 | 2776 | 3276 | 6484 | 7073 | 7663 |
| 231 | 842 | 1354 | 1880 | 2334 | 2778 | 3277 | 6486 | 7074 | 7665 |
| 232 | 843 | 1357 | 1881 | 2335 | 2779 | 3279 | 6488 | 7075 | 7666 |
| 233 | 844 | 1359 | 1882 | 2336 | 2780 | 3282 | 6490 | 7077 | 7667 |
| 234 | 845 | 1362 | 1883 | 2337 | 2781 | 3283 | 6491 | 7078 | 7668 |
| 235 | 846 | 1365 | 1884 | 2338 | 2782 | 3286 | 6492 | 7079 | 7669 |
| 236 | 847 | 1366 | 1885 | 2339 | 2783 | 3294 | 6493 | 7080 | 7670 |
| 237 | 848 | 1369 | 1886 | 2340 | 2784 | 3296 | 6495 | 7081 | 7674 |

【１３５６】

【表Ｄ６－７】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 238 | 849 | 1370 | 1887 | 2341 | 2785 | 3298 | 6496 | 7082 | 7675 |
| 239 | 850 | 1371 | 1888 | 2342 | 2786 | 3299 | 6497 | 7083 | 7676 |
| 240 | 852 | 1372 | 1889 | 2343 | 2787 | 3300 | 6499 | 7084 | 7677 |
| 241 | 853 | 1373 | 1890 | 2344 | 2788 | 3302 | 6501 | 7085 | 7678 |
| 242 | 854 | 1374 | 1891 | 2345 | 2789 | 3303 | 6502 | 7087 | 7679 |
| 243 | 855 | 1375 | 1892 | 2346 | 2790 | 3305 | 6503 | 7088 | 7681 |
| 244 | 856 | 1376 | 1893 | 2347 | 2791 | 3306 | 6505 | 7089 | 7682 |
| 245 | 857 | 1377 | 1894 | 2348 | 2792 | 3310 | 6506 | 7090 | 7685 |
| 246 | 860 | 1378 | 1895 | 2349 | 2793 | 3313 | 6507 | 7091 | 7686 |
| 247 | 861 | 1379 | 1896 | 2350 | 2794 | 3315 | 6509 | 7092 | 7689 |
| 248 | 862 | 1380 | 1897 | 2351 | 2795 | 3316 | 6510 | 7093 | 7693 |
| 249 | 863 | 1381 | 1898 | 2352 | 2796 | 3318 | 6511 | 7095 | 7694 |
| 250 | 866 | 1382 | 1899 | 2353 | 2797 | 3323 | 6512 | 7096 | 7695 |
| 251 | 867 | 1383 | 1900 | 2354 | 2798 | 3326 | 6515 | 7097 | 7698 |
| 252 | 868 | 1384 | 1901 | 2355 | 2799 | 3329 | 6522 | 7098 | 7700 |
| 253 | 869 | 1385 | 1902 | 2356 | 2800 | 4501 | 6524 | 7099 | 7701 |
| 254 | 870 | 1386 | 1903 | 2357 | 2801 | 4502 | 6525 | 7100 | 7702 |
| 255 | 871 | 1387 | 1904 | 2358 | 2802 | 4503 | 6526 | 7103 | 7705 |
| 256 | 872 | 1388 | 1905 | 2359 | 2803 | 4504 | 6527 | 7104 | 7706 |
| 257 | 873 | 1389 | 1906 | 2360 | 2804 | 4505 | 6529 | 7105 | 7707 |
| 258 | 874 | 1390 | 1907 | 2361 | 2805 | 4506 | 6530 | 7106 | 7708 |
| 259 | 875 | 1391 | 1908 | 2362 | 2806 | 4507 | 6531 | 7109 | 7713 |
| 261 | 876 | 1392 | 1909 | 2363 | 2807 | 4508 | 6532 | 7110 | 7715 |
| 262 | 877 | 1393 | 1910 | 2364 | 2808 | 4509 | 6533 | 7111 | 7717 |
| 263 | 878 | 1394 | 1911 | 2365 | 2809 | 4510 | 6535 | 7112 | 7718 |
| 264 | 879 | 1395 | 1912 | 2366 | 2810 | 4511 | 6538 | 7114 | 7719 |
| 265 | 880 | 1396 | 1913 | 2367 | 2811 | 4512 | 6540 | 7115 | 7720 |
| 266 | 881 | 1397 | 1914 | 2368 | 2812 | 4513 | 6541 | 7116 | 7721 |
| 267 | 882 | 1398 | 1915 | 2369 | 2813 | 4514 | 6542 | 7118 | 7722 |
| 268 | 883 | 1399 | 1916 | 2370 | 2814 | 4515 | 6543 | 7119 | 7723 |
| 269 | 884 | 1400 | 1917 | 2371 | 2815 | 4516 | 6544 | 7120 | 7724 |
| 270 | 885 | 1401 | 1918 | 2372 | 2816 | 4517 | 6545 | 7121 | 7726 |
| 271 | 886 | 1402 | 1919 | 2373 | 2817 | 4518 | 6547 | 7123 | 7727 |
| 272 | 887 | 1403 | 1920 | 2374 | 2818 | 4519 | 6548 | 7125 | 7728 |
| 273 | 888 | 1404 | 1921 | 2375 | 2819 | 4520 | 6549 | 7127 | 7729 |
| 274 | 889 | 1405 | 1922 | 2376 | 2820 | 4521 | 6551 | 7128 | 7730 |
| 275 | 890 | 1406 | 1923 | 2377 | 2821 | 4522 | 6552 | 7129 | 7731 |
| 276 | 891 | 1407 | 1924 | 2378 | 2822 | 4523 | 6554 | 7131 | 7732 |
| 277 | 892 | 1408 | 1925 | 2379 | 2823 | 4524 | 6555 | 7133 | 7733 |
| 278 | 893 | 1409 | 1926 | 2380 | 2824 | 4525 | 6557 | 7134 | 7734 |
| 279 | 894 | 1410 | 1927 | 2381 | 2825 | 4526 | 6559 | 7135 | 7735 |

【１３５７】

【表Ｄ６－８】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 280 | 895 | 1411 | 1928 | 2382 | 2826 | 4527 | 6561 | 7136 | 7737 |
| 281 | 896 | 1412 | 1929 | 2383 | 2827 | 4528 | 6563 | 7140 | 7738 |
| 283 | 897 | 1413 | 1931 | 2384 | 2828 | 4529 | 6564 | 7141 | 7739 |
| 284 | 898 | 1414 | 1932 | 2385 | 2829 | 4530 | 6565 | 7142 | 7740 |
| 285 | 899 | 1415 | 1933 | 2386 | 2830 | 4531 | 6566 | 7143 | 7741 |
| 286 | 900 | 1416 | 1934 | 2387 | 2831 | 4532 | 6567 | 7144 | |
| 287 | 901 | 1417 | 1935 | 2388 | 2832 | 4533 | 6568 | 7147 | |
| 290 | 902 | 1418 | 1936 | 2389 | 2833 | 4534 | 6569 | 7148 | |
| 293 | 903 | 1419 | 1937 | 2390 | 2834 | 4535 | 6572 | 7149 | |
| 294 | 904 | 1420 | 1938 | 2391 | 2835 | 4536 | 6573 | 7150 | |
| 295 | 905 | 1421 | 1939 | 2392 | 2836 | 4537 | 6575 | 7151 | |
| 296 | 906 | 1422 | 1940 | 2393 | 2837 | 4538 | 6577 | 7152 | |
| 297 | 907 | 1423 | 1941 | 2394 | 2838 | 4539 | 6579 | 7153 | |
| 298 | 908 | 1424 | 1942 | 2395 | 2839 | 4540 | 6580 | 7154 | |
| 299 | 909 | 1425 | 1943 | 2396 | 2840 | 4541 | 6581 | 7155 | |
| 300 | 910 | 1426 | 1944 | 2397 | 2841 | 6001 | 6582 | 7156 | |
| 301 | 911 | 1427 | 1945 | 2398 | 2842 | 6004 | 6583 | 7158 | |
| 302 | 912 | 1428 | 1946 | 2399 | 2843 | 6006 | 6584 | 7159 | |
| 303 | 913 | 1429 | 1947 | 2400 | 2844 | 6007 | 6585 | 7160 | |
| 304 | 914 | 1430 | 1948 | 2401 | 2845 | 6008 | 6586 | 7161 | |
| 305 | 915 | 1431 | 1949 | 2402 | 2846 | 6010 | 6587 | 7162 | |
| 306 | 916 | 1432 | 1950 | 2403 | 2847 | 6011 | 6588 | 7163 | |
| 307 | 917 | 1433 | 1951 | 2404 | 2848 | 6012 | 6589 | 7164 | |
| 308 | 918 | 1434 | 1952 | 2405 | 2849 | 6013 | 6590 | 7166 | |
| 309 | 919 | 1435 | 1953 | 2406 | 2850 | 6014 | 6591 | 7167 | |
| 310 | 920 | 1436 | 1954 | 2407 | 2851 | 6015 | 6593 | 7168 | |
| 312 | 921 | 1437 | 1955 | 2408 | 2852 | 6017 | 6594 | 7169 | |
| 313 | 922 | 1439 | 1956 | 2409 | 2853 | 6018 | 6595 | 7170 | |
| 314 | 923 | 1440 | 1957 | 2410 | 2854 | 6019 | 6596 | 7171 | |
| 315 | 924 | 1441 | 1958 | 2411 | 2855 | 6021 | 6597 | 7172 | |
| 316 | 925 | 1442 | 1959 | 2412 | 2856 | 6022 | 6598 | 7174 | |
| 317 | 926 | 1443 | 1960 | 2413 | 2857 | 6023 | 6599 | 7175 | |
| 318 | 927 | 1444 | 1961 | 2414 | 2858 | 6024 | 6600 | 7176 | |
| 319 | 928 | 1445 | 1962 | 2415 | 2859 | 6025 | 6601 | 7177 | |
| 320 | 929 | 1446 | 1963 | 2416 | 2860 | 6026 | 6602 | 7179 | |
| 321 | 930 | 1447 | 1964 | 2417 | 2861 | 6028 | 6603 | 7180 | |
| 322 | 931 | 1448 | 1965 | 2418 | 2862 | 6029 | 6605 | 7181 | |
| 323 | 932 | 1449 | 1966 | 2419 | 2863 | 6030 | 6606 | 7183 | |
| 324 | 933 | 1450 | 1967 | 2420 | 2864 | 6031 | 6607 | 7184 | |
| 325 | 934 | 1451 | 1968 | 2422 | 2865 | 6033 | 6608 | 7186 | |
| 326 | 936 | 1452 | 1969 | 2423 | 2866 | 6035 | 6609 | 7187 | |

【１３５８】

【表Ｄ６－９】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 327 | 937 | 1455 | 1970 | 2424 | 2867 | 6036 | 6610 | 7188 | |
| 328 | 938 | 1456 | 1971 | 2425 | 2868 | 6038 | 6611 | 7191 | |
| 329 | 939 | 1460 | 1972 | 2426 | 2869 | 6040 | 6612 | 7192 | |
| 330 | 940 | 1462 | 1973 | 2427 | 2870 | 6041 | 6613 | 7194 | |
| 331 | 941 | 1471 | 1974 | 2431 | 2871 | 6043 | 6614 | 7195 | |
| 332 | 942 | 1473 | 1975 | 2436 | 2872 | 6045 | 6615 | 7196 | |
| 333 | 943 | 1475 | 1976 | 2438 | 2873 | 6046 | 6617 | 7197 | |
| 334 | 944 | 1488 | 1977 | 2440 | 2874 | 6048 | 6618 | 7198 | |
| 335 | 945 | 1489 | 1978 | 2441 | 2875 | 6049 | 6619 | 7201 | |
| 336 | 946 | 1491 | 1979 | 2442 | 2876 | 6050 | 6621 | 7203 | |
| 337 | 948 | 1492 | 1980 | 2443 | 2877 | 6051 | 6622 | 7204 | |
| 338 | 950 | 1493 | 1981 | 2444 | 2878 | 6054 | 6623 | 7206 | |
| 339 | 951 | 1497 | 1982 | 2445 | 2880 | 6055 | 6624 | 7208 | |
| 340 | 952 | 1499 | 1983 | 2446 | 2881 | 6056 | 6625 | 7209 | |
| 341 | 957 | 1504 | 1984 | 2447 | 2882 | 6057 | 6627 | 7210 | |
| 342 | 958 | 1505 | 1985 | 2448 | 2884 | 6058 | 6628 | 7212 | |
| 343 | 959 | 1506 | 1986 | 2449 | 2885 | 6059 | 6629 | 7214 | |
| 344 | 960 | 1507 | 1987 | 2450 | 2886 | 6060 | 6630 | 7215 | |
| 345 | 961 | 1508 | 1988 | 2451 | 2887 | 6061 | 6632 | 7216 | |
| 346 | 962 | 1510 | 1989 | 2452 | 2888 | 6063 | 6635 | 7217 | |
| 347 | 963 | 1513 | 1990 | 2453 | 2889 | 6064 | 6637 | 7218 | |
| 348 | 964 | 1515 | 1991 | 2454 | 2890 | 6066 | 6639 | 7220 | |
| 349 | 965 | 1519 | 1992 | 2455 | 2891 | 6067 | 6642 | 7221 | |
| 350 | 966 | 1521 | 1993 | 2456 | 2892 | 6068 | 6644 | 7222 | |
| 351 | 967 | 1523 | 1994 | 2457 | 2893 | 6069 | 6645 | 7223 | |
| 352 | 968 | 1524 | 1995 | 2458 | 2894 | 6071 | 6646 | 7226 | |
| 353 | 969 | 1527 | 1996 | 2459 | 2895 | 6072 | 6648 | 7227 | |
| 354 | 970 | 1529 | 1997 | 2460 | 2896 | 6073 | 6650 | 7228 | |
| 355 | 971 | 1531 | 1998 | 2461 | 2897 | 6074 | 6651 | 7230 | |
| 356 | 972 | 1539 | 1999 | 2462 | 2898 | 6075 | 6652 | 7231 | |
| 357 | 973 | 1540 | 2000 | 2463 | 2899 | 6076 | 6654 | 7232 | |
| 358 | 974 | 1541 | 2001 | 2464 | 2900 | 6079 | 6655 | 7233 | |
| 359 | 975 | 1542 | 2002 | 2465 | 2901 | 6080 | 6656 | 7235 | |
| 360 | 976 | 1543 | 2003 | 2466 | 2902 | 6081 | 6659 | 7236 | |
| 361 | 977 | 1544 | 2004 | 2467 | 2903 | 6082 | 6661 | 7237 | |
| 362 | 978 | 1545 | 2005 | 2468 | 2904 | 6083 | 6664 | 7238 | |
| 363 | 979 | 1546 | 2006 | 2469 | 2905 | 6084 | 6665 | 7239 | |
| 364 | 980 | 1547 | 2007 | 2470 | 2906 | 6085 | 6666 | 7240 | |
| 365 | 981 | 1548 | 2008 | 2471 | 2907 | 6088 | 6669 | 7242 | |
| 366 | 982 | 1549 | 2009 | 2472 | 2908 | 6089 | 6671 | 7243 | |
| 367 | 983 | 1550 | 2010 | 2473 | 2909 | 6090 | 6672 | 7244 | |

【１３５９】

【表Ｄ６－１０】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 368 | 984 | 1551 | 2011 | 2474 | 2910 | 6091 | 6674 | 7246 | |
| 369 | 985 | 1552 | 2012 | 2476 | 2911 | 6092 | 6675 | 7247 | |
| 370 | 986 | 1553 | 2013 | 2477 | 2912 | 6093 | 6676 | 7250 | |
| 371 | 987 | 1554 | 2014 | 2478 | 2913 | 6094 | 6679 | 7251 | |
| 372 | 988 | 1555 | 2015 | 2479 | 2914 | 6096 | 6680 | 7252 | |
| 373 | 989 | 1556 | 2016 | 2480 | 2915 | 6097 | 6681 | 7253 | |
| 374 | 990 | 1557 | 2017 | 2481 | 2916 | 6099 | 6683 | 7255 | |
| 375 | 991 | 1558 | 2018 | 2482 | 2917 | 6101 | 6684 | 7258 | |
| 376 | 992 | 1559 | 2019 | 2483 | 2918 | 6102 | 6685 | 7260 | |
| 377 | 993 | 1560 | 2020 | 2484 | 2919 | 6103 | 6686 | 7261 | |
| 379 | 994 | 1561 | 2021 | 2485 | 2920 | 6105 | 6687 | 7262 | |
| 380 | 996 | 1563 | 2022 | 2488 | 2921 | 6106 | 6688 | 7263 | |
| 381 | 997 | 1564 | 2023 | 2489 | 2922 | 6107 | 6689 | 7264 | |
| 382 | 999 | 1565 | 2024 | 2490 | 2923 | 6108 | 6690 | 7265 | |
| 383 | 1000 | 1566 | 2025 | 2491 | 2924 | 6109 | 6691 | 7266 | |
| 384 | 1001 | 1567 | 2026 | 2492 | 2925 | 6110 | 6692 | 7267 | |
| 385 | 1003 | 1568 | 2027 | 2497 | 2926 | 6112 | 6693 | 7270 | |
| 386 | 1004 | 1570 | 2028 | 2498 | 2927 | 6115 | 6694 | 7273 | |
| 387 | 1006 | 1571 | 2029 | 2501 | 2928 | 6116 | 6695 | 7274 | |
| 388 | 1007 | 1572 | 2030 | 2502 | 2929 | 6117 | 6698 | 7275 | |
| 389 | 1008 | 1573 | 2031 | 2503 | 2930 | 6118 | 6703 | 7276 | |
| 390 | 1009 | 1574 | 2032 | 2504 | 2931 | 6121 | 6705 | 7278 | |
| 391 | 1010 | 1575 | 2033 | 2505 | 2932 | 6122 | 6706 | 7281 | |
| 392 | 1011 | 1576 | 2034 | 2506 | 2933 | 6123 | 6708 | 7282 | |
| 393 | 1012 | 1577 | 2035 | 2507 | 2934 | 6124 | 6709 | 7284 | |
| 394 | 1013 | 1578 | 2036 | 2508 | 2935 | 6125 | 6713 | 7286 | |
| 395 | 1014 | 1579 | 2037 | 2509 | 2936 | 6129 | 6715 | 7288 | |
| 396 | 1015 | 1580 | 2038 | 2510 | 2937 | 6130 | 6716 | 7289 | |
| 397 | 1016 | 1581 | 2039 | 2511 | 2938 | 6131 | 6717 | 7291 | |
| 398 | 1017 | 1582 | 2040 | 2512 | 2939 | 6133 | 6718 | 7292 | |
| 399 | 1018 | 1583 | 2041 | 2513 | 2940 | 6136 | 6719 | 7293 | |
| 400 | 1019 | 1584 | 2042 | 2514 | 2941 | 6137 | 6720 | 7294 | |
| 401 | 1020 | 1585 | 2043 | 2515 | 2942 | 6138 | 6722 | 7297 | |
| 402 | 1021 | 1587 | 2044 | 2516 | 2943 | 6139 | 6723 | 7298 | |
| 403 | 1022 | 1588 | 2045 | 2517 | 2944 | 6140 | 6724 | 7299 | |
| 404 | 1023 | 1590 | 2046 | 2518 | 2945 | 6141 | 6726 | 7301 | |
| 405 | 1024 | 1592 | 2047 | 2519 | 2946 | 6142 | 6728 | 7302 | |
| 406 | 1025 | 1593 | 2048 | 2520 | 2947 | 6143 | 6730 | 7303 | |
| 407 | 1026 | 1594 | 2049 | 2521 | 2948 | 6144 | 6731 | 7304 | |
| 408 | 1027 | 1597 | 2050 | 2522 | 2949 | 6147 | 6732 | 7305 | |
| 409 | 1028 | 1598 | 2051 | 2523 | 2950 | 6148 | 6733 | 7306 | |

【１３６０】

【表Ｄ６－１１】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 410 | 1029 | 1599 | 2052 | 2524 | 2951 | 6150 | 6734 | 7307 | |
| 413 | 1030 | 1600 | 2053 | 2525 | 2952 | 6151 | 6736 | 7309 | |
| 415 | 1031 | 1604 | 2054 | 2526 | 2953 | 6152 | 6738 | 7311 | |
| 416 | 1032 | 1605 | 2055 | 2527 | 2954 | 6153 | 6739 | 7312 | |
| 419 | 1033 | 1606 | 2056 | 2528 | 2955 | 6154 | 6740 | 7313 | |
| 420 | 1034 | 1607 | 2057 | 2529 | 2957 | 6155 | 6741 | 7315 | |
| 421 | 1035 | 1608 | 2058 | 2530 | 2958 | 6157 | 6743 | 7317 | |
| 424 | 1036 | 1610 | 2059 | 2531 | 2959 | 6158 | 6744 | 7320 | |
| 426 | 1037 | 1611 | 2060 | 2532 | 2960 | 6159 | 6745 | 7322 | |
| 427 | 1038 | 1612 | 2061 | 2533 | 2962 | 6160 | 6746 | 7323 | |
| 428 | 1039 | 1616 | 2062 | 2534 | 2965 | 6164 | 6747 | 7326 | |
| 429 | 1040 | 1617 | 2063 | 2535 | 2966 | 6165 | 6750 | 7327 | |
| 432 | 1041 | 1618 | 2064 | 2536 | 2967 | 6167 | 6751 | 7328 | |
| 433 | 1042 | 1619 | 2066 | 2537 | 2968 | 6168 | 6752 | 7329 | |
| 437 | 1043 | 1620 | 2069 | 2538 | 2969 | 6169 | 6754 | 7331 | |
| 438 | 1044 | 1621 | 2070 | 2539 | 2971 | 6171 | 6756 | 7332 | |
| 441 | 1045 | 1622 | 2071 | 2540 | 2972 | 6172 | 6757 | 7335 | |
| 443 | 1046 | 1623 | 2072 | 2541 | 2973 | 6173 | 6758 | 7336 | |
| 446 | 1047 | 1624 | 2074 | 2542 | 2974 | 6174 | 6760 | 7337 | |
| 449 | 1048 | 1625 | 2075 | 2543 | 2975 | 6175 | 6761 | 7339 | |
| 450 | 1049 | 1626 | 2076 | 2544 | 2976 | 6176 | 6762 | 7340 | |
| 452 | 1050 | 1627 | 2079 | 2545 | 2978 | 6177 | 6764 | 7342 | |
| 460 | 1051 | 1628 | 2080 | 2546 | 2979 | 6178 | 6765 | 7343 | |
| 461 | 1052 | 1629 | 2081 | 2547 | 2981 | 6179 | 6771 | 7344 | |
| 462 | 1053 | 1630 | 2082 | 2548 | 2982 | 6180 | 6772 | 7345 | |
| 464 | 1054 | 1631 | 2084 | 2549 | 2983 | 6181 | 6773 | 7346 | |
| 465 | 1055 | 1632 | 2085 | 2550 | 2984 | 6182 | 6774 | 7347 | |
| 469 | 1056 | 1633 | 2086 | 2551 | 2985 | 6183 | 6775 | 7348 | |
| 470 | 1057 | 1634 | 2089 | 2552 | 2986 | 6184 | 6776 | 7349 | |
| 472 | 1058 | 1635 | 2090 | 2553 | 2987 | 6185 | 6777 | 7350 | |
| 475 | 1059 | 1636 | 2091 | 2554 | 2988 | 6186 | 6778 | 7351 | |
| 476 | 1060 | 1637 | 2092 | 2555 | 2989 | 6187 | 6779 | 7352 | |
| 480 | 1061 | 1638 | 2093 | 2556 | 2990 | 6188 | 6780 | 7354 | |
| 481 | 1062 | 1639 | 2094 | 2557 | 2991 | 6189 | 6781 | 7357 | |
| 483 | 1063 | 1640 | 2095 | 2558 | 2992 | 6190 | 6782 | 7358 | |
| 484 | 1064 | 1641 | 2096 | 2559 | 2993 | 6191 | 6783 | 7360 | |

【１３６１】

細胞型及び試験鋳型交絡因子を用いずに選択された候補の再現性を特性決定するために、２つの更なる完全な実験レプリケートを、上記で詳述される同じ実験手順に従って、ＨＥＫ２９３Ｔ細胞内での試験鋳型ｇ４条件（本明細書における条件１ｂ及び１ｃ；元の条件１は、以後、条件１ａになった）について実行した。３つの条件１レプリケートの分析は、レプリケート１ａ、１ｂ、及び１ｃの全てにわたって少なくとも１以上のＺスコアを有する約２６０の遺伝子組換えポリペプチド候補のサブセットを同定した。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの全ての条件１レプリケートにおいて再現性のある編集活性を有していたことを示す。これらは、以下の表Ｄ７に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む。

【１３６２】

【表Ｄ７】

表D7. レプリケート1a、1b、及び1cの全てにわたって少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 156 | 1376 | 2320 | 2678 | 2927 | 4511 | 6760 |
| 300 | 1401 | 2324 | 2700 | 2929 | 4512 | 6761 |
| 317 | 1423 | 2327 | 2701 | 2930 | 4513 | 6783 |
| 346 | 1441 | 2329 | 2711 | 2933 | 4514 | 6788 |
| 352 | 1553 | 2331 | 2712 | 2937 | 4515 | 6876 |
| 591 | 1860 | 2332 | 2737 | 2953 | 4516 | 6883 |
| 647 | 1863 | 2333 | 2741 | 2957 | 4517 | 6998 |
| 801 | 1867 | 2338 | 2748 | 2972 | 4518 | 7067 |
| 871 | 1871 | 2343 | 2760 | 2983 | 4520 | 7103 |
| 898 | 1874 | 2345 | 2772 | 2995 | 4522 | 7121 |
| 933 | 1875 | 2359 | 2780 | 3007 | 4523 | 7142 |
| 1007 | 1876 | 2360 | 2781 | 3039 | 4524 | 7154 |
| 1008 | 1939 | 2370 | 2784 | 3044 | 4525 | 7242 |
| 1009 | 1943 | 2382 | 2786 | 3045 | 4526 | 7262 |
| 1011 | 1949 | 2400 | 2787 | 3057 | 4527 | 7267 |
| 1018 | 1951 | 2405 | 2788 | 3063 | 4528 | 7293 |
| 1021 | 1967 | 2510 | 2790 | 3065 | 4529 | 7335 |
| 1029 | 2060 | 2514 | 2791 | 3067 | 4530 | 7443 |
| 1033 | 2086 | 2527 | 2795 | 3076 | 4531 | 7476 |
| 1034 | 2092 | 2529 | 2797 | 3079 | 4533 | 7496 |
| 1037 | 2094 | 2535 | 2800 | 3083 | 4534 | 7509 |
| 1039 | 2104 | 2536 | 2810 | 3084 | 4535 | 7555 |
| 1044 | 2112 | 2539 | 2815 | 3085 | 4536 | 7587 |
| 1046 | 2114 | 2550 | 2820 | 3093 | 4537 | 7588 |
| 1047 | 2117 | 2553 | 2823 | 3096 | 4538 | 7660 |
| 1052 | 2132 | 2573 | 2825 | 3099 | 4539 | 7667 |
| 1056 | 2145 | 2583 | 2826 | 3103 | 4540 | |
| 1059 | 2148 | 2599 | 2830 | 3107 | 4541 | |
| 1060 | 2149 | 2610 | 2835 | 3111 | 6030 | |
| 1076 | 2161 | 2615 | 2836 | 3123 | 6073 | |
| 1083 | 2165 | 2620 | 2850 | 4501 | 6091 | |
| 1093 | 2172 | 2631 | 2880 | 4502 | 6181 | |
| 1197 | 2174 | 2634 | 2881 | 4503 | 6402 | |
| 1198 | 2196 | 2636 | 2888 | 4504 | 6434 | |
| 1219 | 2249 | 2644 | 2893 | 4506 | 6505 | |
| 1242 | 2280 | 2654 | 2903 | 4507 | 6567 | |
| 1262 | 2301 | 2656 | 2913 | 4508 | 6568 | |
| 1372 | 2311 | 2657 | 2914 | 4509 | 6591 | |
| 1373 | 2313 | 2660 | 2916 | 4510 | 6738 | |

【１３６３】

ライブラリー内の約３０７０の遺伝子組換えポリペプチド候補は、この更なる分析を用いて、条件１ａ、１ｂ、又は１ｃのいずれか１つにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していた。これらの結果は、遺伝子組換えポリペプチドのこのサブセットが、この修正された分析下におけるスクリーニングアッセイの条件１の少なくとも１つのレプリケートにおいて編集活性を有していたことを示す。これらの遺伝子組換えポリペプチドのサブセットは、以下の表Ｄ８に列挙される配列番号のいずれか１つのアミノ酸配列によってコードされる。

【１３６４】

【表Ｄ８－１】

表D8. 条件1a、1b、又は1cのいずれか1つにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 731 | 1242 | 1882 | 2326 | 2690 | 3059 | 6301 | 6729 | 7174 | 7620 |
| 34 | 746 | 1243 | 1883 | 2327 | 2691 | 3060 | 6303 | 6730 | 7176 | 7621 |
| 35 | 765 | 1244 | 1884 | 2328 | 2692 | 3061 | 6304 | 6731 | 7178 | 7623 |
| 36 | 770 | 1245 | 1885 | 2329 | 2695 | 3062 | 6305 | 6732 | 7179 | 7625 |
| 37 | 772 | 1246 | 1886 | 2330 | 2697 | 3063 | 6307 | 6733 | 7180 | 7626 |
| 38 | 777 | 1247 | 1887 | 2331 | 2699 | 3064 | 6308 | 6734 | 7182 | 7627 |
| 39 | 780 | 1250 | 1889 | 2332 | 2700 | 3065 | 6310 | 6735 | 7183 | 7629 |
| 40 | 799 | 1253 | 1890 | 2333 | 2701 | 3066 | 6311 | 6737 | 7184 | 7630 |
| 45 | 800 | 1254 | 1891 | 2334 | 2702 | 3067 | 6312 | 6738 | 7185 | 7632 |
| 46 | 801 | 1255 | 1892 | 2335 | 2703 | 3068 | 6313 | 6742 | 7186 | 7633 |
| 47 | 802 | 1256 | 1893 | 2336 | 2711 | 3069 | 6314 | 6744 | 7187 | 7634 |
| 48 | 803 | 1257 | 1894 | 2337 | 2712 | 3070 | 6315 | 6746 | 7190 | 7635 |
| 49 | 804 | 1258 | 1896 | 2338 | 2713 | 3071 | 6316 | 6748 | 7191 | 7636 |
| 50 | 805 | 1259 | 1898 | 2339 | 2714 | 3072 | 6317 | 6749 | 7192 | 7637 |
| 51 | 806 | 1260 | 1899 | 2340 | 2715 | 3073 | 6320 | 6751 | 7194 | 7638 |
| 52 | 807 | 1261 | 1900 | 2341 | 2716 | 3074 | 6322 | 6752 | 7195 | 7639 |

【１３６５】

【表Ｄ８－２】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 55 | 808 | 1262 | 1901 | 2342 | 2717 | 3075 | 6324 | 6753 | 7196 | 7640 |
| 56 | 809 | 1263 | 1903 | 2343 | 2718 | 3076 | 6325 | 6754 | 7197 | 7641 |
| 57 | 811 | 1264 | 1905 | 2344 | 2719 | 3077 | 6327 | 6755 | 7198 | 7642 |
| 59 | 812 | 1265 | 1906 | 2345 | 2720 | 3078 | 6328 | 6758 | 7199 | 7643 |
| 61 | 813 | 1266 | 1907 | 2346 | 2721 | 3079 | 6329 | 6759 | 7200 | 7644 |
| 62 | 814 | 1267 | 1908 | 2347 | 2722 | 3080 | 6330 | 6760 | 7201 | 7646 |
| 63 | 817 | 1268 | 1909 | 2348 | 2723 | 3081 | 6332 | 6761 | 7202 | 7647 |
| 64 | 818 | 1269 | 1912 | 2349 | 2724 | 3082 | 6333 | 6763 | 7203 | 7648 |
| 65 | 819 | 1270 | 1913 | 2350 | 2726 | 3083 | 6336 | 6765 | 7204 | 7649 |
| 67 | 820 | 1272 | 1915 | 2351 | 2727 | 3084 | 6339 | 6766 | 7206 | 7650 |
| 68 | 821 | 1273 | 1916 | 2352 | 2728 | 3085 | 6340 | 6767 | 7209 | 7651 |
| 69 | 824 | 1274 | 1917 | 2353 | 2729 | 3086 | 6341 | 6768 | 7211 | 7653 |
| 70 | 825 | 1276 | 1918 | 2354 | 2730 | 3087 | 6342 | 6769 | 7212 | 7654 |
| 71 | 827 | 1278 | 1920 | 2355 | 2731 | 3088 | 6343 | 6772 | 7213 | 7655 |
| 72 | 828 | 1279 | 1921 | 2356 | 2732 | 3090 | 6344 | 6773 | 7216 | 7656 |
| 76 | 829 | 1281 | 1922 | 2357 | 2734 | 3091 | 6348 | 6774 | 7219 | 7658 |
| 78 | 830 | 1288 | 1923 | 2358 | 2736 | 3093 | 6349 | 6776 | 7222 | 7660 |
| 79 | 833 | 1298 | 1924 | 2359 | 2737 | 3094 | 6351 | 6777 | 7224 | 7661 |
| 81 | 834 | 1311 | 1925 | 2360 | 2739 | 3095 | 6352 | 6778 | 7225 | 7662 |
| 83 | 835 | 1319 | 1926 | 2361 | 2740 | 3096 | 6354 | 6780 | 7226 | 7664 |
| 85 | 836 | 1330 | 1927 | 2362 | 2741 | 3097 | 6355 | 6781 | 7227 | 7665 |
| 86 | 837 | 1343 | 1929 | 2363 | 2742 | 3098 | 6356 | 6782 | 7229 | 7666 |
| 88 | 839 | 1346 | 1932 | 2364 | 2743 | 3099 | 6357 | 6783 | 7230 | 7667 |
| 89 | 843 | 1348 | 1934 | 2365 | 2744 | 3100 | 6359 | 6784 | 7232 | 7670 |
| 90 | 844 | 1353 | 1935 | 2366 | 2745 | 3101 | 6360 | 6785 | 7234 | 7671 |
| 93 | 847 | 1354 | 1936 | 2367 | 2746 | 3102 | 6361 | 6786 | 7235 | 7672 |
| 94 | 848 | 1370 | 1937 | 2368 | 2747 | 3103 | 6362 | 6788 | 7240 | 7673 |
| 96 | 849 | 1371 | 1938 | 2369 | 2748 | 3104 | 6363 | 6789 | 7241 | 7675 |
| 97 | 850 | 1372 | 1939 | 2370 | 2750 | 3105 | 6364 | 6790 | 7242 | 7676 |
| 100 | 851 | 1373 | 1940 | 2371 | 2751 | 3106 | 6365 | 6793 | 7244 | 7678 |
| 103 | 852 | 1374 | 1941 | 2372 | 2753 | 3107 | 6366 | 6796 | 7245 | 7679 |
| 106 | 853 | 1375 | 1942 | 2373 | 2754 | 3108 | 6367 | 6797 | 7246 | 7680 |
| 108 | 854 | 1376 | 1943 | 2374 | 2755 | 3109 | 6368 | 6798 | 7248 | 7682 |
| 110 | 861 | 1377 | 1944 | 2375 | 2758 | 3110 | 6370 | 6801 | 7249 | 7683 |
| 111 | 862 | 1379 | 1945 | 2376 | 2760 | 3111 | 6371 | 6802 | 7250 | 7684 |
| 114 | 863 | 1380 | 1946 | 2377 | 2761 | 3112 | 6372 | 6803 | 7253 | 7687 |
| 115 | 866 | 1381 | 1947 | 2378 | 2764 | 3113 | 6373 | 6804 | 7254 | 7688 |
| 116 | 867 | 1383 | 1948 | 2379 | 2768 | 3114 | 6374 | 6808 | 7256 | 7689 |
| 117 | 870 | 1384 | 1949 | 2380 | 2769 | 3116 | 6375 | 6809 | 7257 | 7690 |
| 118 | 871 | 1385 | 1950 | 2381 | 2772 | 3117 | 6376 | 6810 | 7258 | 7691 |
| 119 | 872 | 1386 | 1951 | 2382 | 2773 | 3118 | 6377 | 6811 | 7259 | 7692 |

【１３６６】

【表Ｄ８－３】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 120 | 873 | 1387 | 1952 | 2383 | 2775 | 3119 | 6380 | 6812 | 7260 | 7693 |
| 121 | 874 | 1388 | 1953 | 2384 | 2776 | 3120 | 6381 | 6813 | 7261 | 7694 |
| 122 | 876 | 1389 | 1954 | 2385 | 2777 | 3121 | 6382 | 6815 | 7262 | 7695 |
| 123 | 877 | 1390 | 1955 | 2386 | 2780 | 3122 | 6383 | 6816 | 7263 | 7696 |
| 124 | 878 | 1391 | 1956 | 2387 | 2781 | 3123 | 6385 | 6817 | 7264 | 7697 |
| 125 | 879 | 1393 | 1957 | 2388 | 2782 | 3124 | 6386 | 6818 | 7266 | 7698 |
| 126 | 880 | 1394 | 1958 | 2389 | 2783 | 3125 | 6387 | 6819 | 7267 | 7699 |
| 127 | 881 | 1395 | 1959 | 2390 | 2784 | 3126 | 6388 | 6820 | 7268 | 7701 |
| 130 | 883 | 1396 | 1960 | 2391 | 2785 | 3127 | 6390 | 6821 | 7269 | 7702 |
| 131 | 884 | 1397 | 1961 | 2392 | 2786 | 3128 | 6391 | 6822 | 7271 | 7703 |
| 134 | 885 | 1398 | 1962 | 2393 | 2787 | 3129 | 6392 | 6825 | 7272 | 7704 |
| 137 | 886 | 1399 | 1964 | 2394 | 2788 | 3130 | 6394 | 6828 | 7273 | 7706 |
| 138 | 887 | 1400 | 1965 | 2395 | 2789 | 3131 | 6395 | 6829 | 7274 | 7707 |
| 139 | 888 | 1401 | 1966 | 2396 | 2790 | 3133 | 6402 | 6831 | 7275 | 7709 |
| 143 | 890 | 1402 | 1967 | 2397 | 2791 | 3134 | 6405 | 6833 | 7276 | 7710 |
| 144 | 891 | 1403 | 1968 | 2398 | 2792 | 3135 | 6407 | 6835 | 7277 | 7711 |
| 145 | 892 | 1404 | 1969 | 2399 | 2793 | 3136 | 6408 | 6837 | 7279 | 7712 |
| 146 | 893 | 1405 | 1970 | 2400 | 2794 | 3194 | 6409 | 6839 | 7281 | 7716 |
| 147 | 894 | 1406 | 1972 | 2401 | 2795 | 3231 | 6410 | 6840 | 7282 | 7717 |
| 150 | 897 | 1408 | 1973 | 2402 | 2796 | 3317 | 6412 | 6844 | 7283 | 7719 |
| 153 | 898 | 1409 | 1974 | 2403 | 2797 | 4501 | 6413 | 6845 | 7284 | 7725 |
| 154 | 899 | 1410 | 1975 | 2404 | 2798 | 4502 | 6414 | 6846 | 7285 | 7728 |
| 156 | 900 | 1411 | 1976 | 2405 | 2799 | 4503 | 6416 | 6847 | 7286 | 7730 |
| 157 | 901 | 1412 | 1977 | 2406 | 2800 | 4504 | 6417 | 6850 | 7287 | 7736 |
| 158 | 902 | 1414 | 1978 | 2407 | 2801 | 4505 | 6419 | 6852 | 7291 | 7740 |
| 159 | 903 | 1415 | 1979 | 2408 | 2802 | 4506 | 6421 | 6855 | 7292 | 7742 |
| 160 | 905 | 1416 | 1980 | 2409 | 2803 | 4507 | 6422 | 6856 | 7293 | 7743 |
| 161 | 907 | 1417 | 1981 | 2410 | 2804 | 4508 | 6424 | 6858 | 7294 | |
| 162 | 908 | 1418 | 1982 | 2412 | 2805 | 4509 | 6425 | 6859 | 7295 | |
| 163 | 909 | 1419 | 1983 | 2413 | 2806 | 4510 | 6426 | 6861 | 7298 | |
| 164 | 910 | 1420 | 1984 | 2414 | 2807 | 4511 | 6428 | 6862 | 7299 | |
| 165 | 912 | 1422 | 1985 | 2415 | 2808 | 4512 | 6429 | 6863 | 7300 | |
| 167 | 914 | 1423 | 1986 | 2416 | 2809 | 4513 | 6430 | 6864 | 7301 | |
| 168 | 915 | 1424 | 1987 | 2440 | 2810 | 4514 | 6431 | 6866 | 7302 | |
| 170 | 916 | 1425 | 1988 | 2443 | 2811 | 4515 | 6432 | 6867 | 7303 | |
| 171 | 917 | 1426 | 1989 | 2444 | 2812 | 4516 | 6434 | 6868 | 7305 | |
| 172 | 918 | 1427 | 1990 | 2447 | 2813 | 4517 | 6436 | 6869 | 7306 | |
| 174 | 919 | 1428 | 1991 | 2448 | 2814 | 4518 | 6438 | 6870 | 7308 | |
| 176 | 920 | 1430 | 1992 | 2449 | 2815 | 4519 | 6439 | 6872 | 7309 | |
| 177 | 921 | 1433 | 1993 | 2451 | 2816 | 4520 | 6440 | 6874 | 7310 | |
| 180 | 922 | 1434 | 1994 | 2452 | 2817 | 4521 | 6441 | 6875 | 7311 | |

【１３６７】

【表Ｄ８－４】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 181 | 923 | 1437 | 1995 | 2453 | 2818 | 4522 | 6443 | 6876 | 7312 | |
| 182 | 924 | 1439 | 1996 | 2454 | 2820 | 4523 | 6444 | 6878 | 7313 | |
| 184 | 925 | 1440 | 1998 | 2455 | 2821 | 4524 | 6445 | 6883 | 7316 | |
| 190 | 928 | 1441 | 1999 | 2456 | 2822 | 4525 | 6447 | 6885 | 7317 | |
| 191 | 929 | 1442 | 2000 | 2457 | 2823 | 4526 | 6450 | 6886 | 7318 | |
| 192 | 933 | 1443 | 2002 | 2458 | 2824 | 4527 | 6452 | 6888 | 7319 | |
| 195 | 934 | 1444 | 2003 | 2459 | 2825 | 4528 | 6455 | 6889 | 7320 | |
| 196 | 935 | 1445 | 2004 | 2460 | 2826 | 4529 | 6458 | 6890 | 7321 | |
| 199 | 936 | 1446 | 2006 | 2461 | 2827 | 4530 | 6464 | 6891 | 7322 | |
| 200 | 938 | 1447 | 2009 | 2462 | 2828 | 4531 | 6465 | 6892 | 7323 | |
| 203 | 940 | 1448 | 2010 | 2465 | 2829 | 4532 | 6466 | 6896 | 7324 | |
| 204 | 942 | 1454 | 2011 | 2466 | 2830 | 4533 | 6467 | 6897 | 7325 | |
| 206 | 943 | 1460 | 2012 | 2467 | 2831 | 4534 | 6468 | 6898 | 7326 | |
| 208 | 944 | 1465 | 2013 | 2469 | 2832 | 4535 | 6469 | 6902 | 7329 | |
| 209 | 946 | 1469 | 2014 | 2470 | 2833 | 4536 | 6470 | 6906 | 7330 | |
| 210 | 947 | 1475 | 2016 | 2471 | 2834 | 4537 | 6471 | 6908 | 7333 | |
| 213 | 948 | 1504 | 2017 | 2480 | 2835 | 4538 | 6472 | 6909 | 7334 | |
| 215 | 951 | 1542 | 2018 | 2481 | 2836 | 4539 | 6476 | 6910 | 7335 | |
| 216 | 959 | 1543 | 2020 | 2483 | 2837 | 4540 | 6477 | 6911 | 7336 | |
| 217 | 960 | 1544 | 2023 | 2485 | 2838 | 4541 | 6478 | 6912 | 7338 | |
| 218 | 961 | 1546 | 2024 | 2486 | 2839 | 6001 | 6479 | 6914 | 7339 | |
| 219 | 962 | 1547 | 2025 | 2488 | 2840 | 6002 | 6480 | 6915 | 7341 | |
| 220 | 963 | 1549 | 2027 | 2489 | 2841 | 6003 | 6481 | 6916 | 7342 | |
| 222 | 964 | 1550 | 2028 | 2496 | 2842 | 6005 | 6482 | 6919 | 7343 | |
| 223 | 965 | 1552 | 2029 | 2502 | 2843 | 6008 | 6483 | 6920 | 7345 | |
| 224 | 966 | 1553 | 2030 | 2503 | 2844 | 6009 | 6485 | 6922 | 7346 | |
| 225 | 967 | 1556 | 2031 | 2504 | 2845 | 6010 | 6486 | 6923 | 7348 | |
| 226 | 968 | 1565 | 2033 | 2505 | 2846 | 6012 | 6487 | 6924 | 7349 | |
| 227 | 969 | 1566 | 2034 | 2506 | 2847 | 6013 | 6488 | 6925 | 7351 | |
| 229 | 970 | 1567 | 2035 | 2507 | 2848 | 6014 | 6489 | 6926 | 7352 | |
| 231 | 971 | 1568 | 2036 | 2508 | 2849 | 6016 | 6491 | 6927 | 7353 | |
| 232 | 972 | 1570 | 2037 | 2509 | 2850 | 6020 | 6493 | 6928 | 7355 | |
| 234 | 975 | 1573 | 2041 | 2510 | 2851 | 6022 | 6494 | 6930 | 7356 | |
| 236 | 976 | 1576 | 2043 | 2511 | 2852 | 6027 | 6498 | 6931 | 7357 | |
| 237 | 977 | 1577 | 2045 | 2512 | 2853 | 6028 | 6499 | 6933 | 7358 | |
| 238 | 978 | 1579 | 2047 | 2513 | 2854 | 6029 | 6500 | 6935 | 7359 | |
| 239 | 979 | 1580 | 2048 | 2514 | 2856 | 6030 | 6501 | 6936 | 7360 | |
| 240 | 980 | 1584 | 2050 | 2515 | 2857 | 6032 | 6502 | 6937 | 7363 | |
| 241 | 981 | 1585 | 2051 | 2516 | 2858 | 6034 | 6503 | 6938 | 7364 | |
| 248 | 982 | 1588 | 2052 | 2517 | 2859 | 6036 | 6504 | 6939 | 7365 | |
| 252 | 983 | 1590 | 2055 | 2518 | 2860 | 6037 | 6505 | 6940 | 7366 | |

【１３６８】

【表Ｄ８－５】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 253 | 985 | 1593 | 2060 | 2519 | 2861 | 6038 | 6508 | 6941 | 7367 | |
| 254 | 986 | 1595 | 2071 | 2520 | 2862 | 6039 | 6509 | 6942 | 7368 | |
| 255 | 987 | 1596 | 2072 | 2521 | 2863 | 6041 | 6511 | 6943 | 7369 | |
| 257 | 988 | 1599 | 2084 | 2522 | 2864 | 6042 | 6512 | 6945 | 7370 | |
| 258 | 989 | 1616 | 2086 | 2523 | 2865 | 6043 | 6513 | 6946 | 7371 | |
| 259 | 990 | 1617 | 2087 | 2524 | 2866 | 6044 | 6514 | 6948 | 7372 | |
| 260 | 993 | 1618 | 2088 | 2525 | 2867 | 6045 | 6515 | 6949 | 7373 | |
| 261 | 994 | 1619 | 2089 | 2526 | 2868 | 6047 | 6516 | 6952 | 7376 | |
| 262 | 995 | 1620 | 2091 | 2527 | 2869 | 6048 | 6517 | 6954 | 7378 | |
| 265 | 996 | 1621 | 2092 | 2528 | 2870 | 6049 | 6518 | 6955 | 7381 | |
| 266 | 998 | 1622 | 2093 | 2529 | 2871 | 6052 | 6519 | 6956 | 7384 | |
| 267 | 999 | 1625 | 2094 | 2530 | 2872 | 6053 | 6521 | 6957 | 7385 | |
| 268 | 1001 | 1628 | 2096 | 2531 | 2873 | 6054 | 6522 | 6958 | 7387 | |
| 269 | 1002 | 1629 | 2100 | 2532 | 2874 | 6057 | 6523 | 6959 | 7389 | |
| 270 | 1003 | 1632 | 2101 | 2533 | 2875 | 6059 | 6524 | 6960 | 7393 | |
| 271 | 1005 | 1633 | 2102 | 2534 | 2877 | 6062 | 6525 | 6961 | 7394 | |
| 272 | 1006 | 1634 | 2103 | 2535 | 2878 | 6063 | 6526 | 6963 | 7395 | |
| 273 | 1007 | 1635 | 2104 | 2536 | 2880 | 6065 | 6527 | 6964 | 7397 | |
| 283 | 1008 | 1636 | 2107 | 2537 | 2881 | 6067 | 6528 | 6966 | 7399 | |
| 284 | 1009 | 1638 | 2108 | 2538 | 2882 | 6070 | 6530 | 6967 | 7400 | |
| 286 | 1010 | 1639 | 2109 | 2539 | 2883 | 6071 | 6531 | 6968 | 7401 | |
| 287 | 1011 | 1640 | 2111 | 2540 | 2884 | 6073 | 6532 | 6969 | 7402 | |
| 288 | 1012 | 1644 | 2112 | 2541 | 2885 | 6074 | 6534 | 6973 | 7403 | |
| 292 | 1014 | 1646 | 2114 | 2542 | 2886 | 6077 | 6536 | 6975 | 7405 | |
| 295 | 1015 | 1652 | 2115 | 2543 | 2887 | 6078 | 6537 | 6977 | 7407 | |
| 297 | 1016 | 1655 | 2116 | 2544 | 2888 | 6079 | 6539 | 6979 | 7408 | |
| 298 | 1017 | 1659 | 2117 | 2545 | 2890 | 6082 | 6540 | 6980 | 7410 | |
| 300 | 1018 | 1660 | 2121 | 2546 | 2891 | 6083 | 6542 | 6981 | 7411 | |
| 301 | 1019 | 1662 | 2124 | 2547 | 2893 | 6084 | 6543 | 6982 | 7412 | |
| 302 | 1020 | 1663 | 2125 | 2548 | 2894 | 6086 | 6546 | 6983 | 7416 | |
| 304 | 1021 | 1664 | 2126 | 2549 | 2895 | 6087 | 6549 | 6985 | 7417 | |
| 305 | 1022 | 1665 | 2128 | 2550 | 2896 | 6091 | 6550 | 6986 | 7418 | |
| 306 | 1023 | 1666 | 2131 | 2551 | 2897 | 6093 | 6551 | 6987 | 7421 | |
| 307 | 1024 | 1667 | 2132 | 2552 | 2898 | 6095 | 6552 | 6988 | 7422 | |
| 309 | 1025 | 1669 | 2133 | 2553 | 2899 | 6097 | 6553 | 6989 | 7423 | |
| 310 | 1027 | 1670 | 2135 | 2554 | 2900 | 6098 | 6555 | 6990 | 7424 | |
| 312 | 1028 | 1671 | 2136 | 2555 | 2901 | 6100 | 6556 | 6991 | 7425 | |
| 313 | 1029 | 1672 | 2137 | 2556 | 2903 | 6104 | 6558 | 6992 | 7429 | |
| 314 | 1030 | 1673 | 2142 | 2557 | 2904 | 6105 | 6559 | 6993 | 7430 | |
| 315 | 1031 | 1675 | 2143 | 2558 | 2905 | 6106 | 6560 | 6994 | 7433 | |
| 317 | 1032 | 1679 | 2144 | 2559 | 2906 | 6108 | 6561 | 6995 | 7435 | |

【１３６９】

【表Ｄ８－６】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 318 | 1033 | 1680 | 2145 | 2560 | 2907 | 6111 | 6562 | 6997 | 7436 | |
| 319 | 1034 | 1681 | 2146 | 2561 | 2908 | 6113 | 6564 | 6998 | 7437 | |
| 320 | 1035 | 1682 | 2147 | 2562 | 2909 | 6114 | 6566 | 7000 | 7439 | |
| 321 | 1037 | 1686 | 2148 | 2563 | 2911 | 6115 | 6567 | 7003 | 7440 | |
| 322 | 1038 | 1687 | 2149 | 2564 | 2912 | 6117 | 6568 | 7005 | 7443 | |
| 323 | 1039 | 1688 | 2153 | 2565 | 2913 | 6118 | 6570 | 7008 | 7444 | |
| 324 | 1040 | 1689 | 2157 | 2566 | 2914 | 6119 | 6571 | 7009 | 7447 | |
| 326 | 1041 | 1690 | 2158 | 2567 | 2916 | 6120 | 6572 | 7010 | 7453 | |
| 328 | 1042 | 1691 | 2159 | 2568 | 2917 | 6121 | 6574 | 7011 | 7454 | |
| 329 | 1043 | 1694 | 2160 | 2569 | 2918 | 6123 | 6575 | 7012 | 7456 | |
| 330 | 1044 | 1695 | 2161 | 2570 | 2919 | 6126 | 6576 | 7013 | 7459 | |
| 331 | 1045 | 1698 | 2165 | 2571 | 2920 | 6127 | 6578 | 7014 | 7460 | |
| 332 | 1046 | 1699 | 2166 | 2572 | 2921 | 6128 | 6579 | 7015 | 7462 | |
| 334 | 1047 | 1700 | 2167 | 2573 | 2922 | 6129 | 6581 | 7017 | 7463 | |
| 335 | 1049 | 1701 | 2168 | 2574 | 2924 | 6130 | 6582 | 7018 | 7465 | |
| 336 | 1050 | 1702 | 2169 | 2575 | 2925 | 6132 | 6584 | 7019 | 7468 | |
| 337 | 1051 | 1704 | 2171 | 2576 | 2926 | 6133 | 6585 | 7022 | 7469 | |
| 339 | 1052 | 1705 | 2172 | 2577 | 2927 | 6134 | 6587 | 7023 | 7470 | |
| 343 | 1053 | 1706 | 2174 | 2578 | 2928 | 6135 | 6588 | 7024 | 7473 | |
| 344 | 1054 | 1707 | 2175 | 2579 | 2929 | 6141 | 6591 | 7029 | 7474 | |
| 345 | 1055 | 1708 | 2176 | 2580 | 2930 | 6142 | 6592 | 7031 | 7476 | |
| 346 | 1056 | 1709 | 2177 | 2582 | 2931 | 6143 | 6594 | 7032 | 7477 | |
| 347 | 1057 | 1711 | 2178 | 2583 | 2932 | 6144 | 6595 | 7033 | 7478 | |
| 348 | 1058 | 1713 | 2179 | 2584 | 2933 | 6145 | 6599 | 7036 | 7480 | |
| 350 | 1059 | 1714 | 2180 | 2585 | 2935 | 6146 | 6601 | 7038 | 7481 | |
| 351 | 1060 | 1716 | 2187 | 2586 | 2936 | 6147 | 6603 | 7039 | 7482 | |
| 352 | 1061 | 1717 | 2189 | 2587 | 2937 | 6148 | 6604 | 7041 | 7485 | |
| 354 | 1062 | 1719 | 2192 | 2588 | 2938 | 6149 | 6607 | 7042 | 7486 | |
| 355 | 1063 | 1720 | 2193 | 2589 | 2940 | 6150 | 6609 | 7044 | 7487 | |
| 356 | 1064 | 1721 | 2194 | 2590 | 2942 | 6151 | 6610 | 7045 | 7488 | |
| 357 | 1065 | 1722 | 2196 | 2591 | 2943 | 6152 | 6613 | 7046 | 7490 | |
| 360 | 1066 | 1724 | 2199 | 2592 | 2944 | 6155 | 6615 | 7047 | 7493 | |
| 361 | 1068 | 1726 | 2201 | 2593 | 2945 | 6156 | 6617 | 7050 | 7496 | |
| 362 | 1069 | 1727 | 2204 | 2594 | 2948 | 6161 | 6618 | 7051 | 7497 | |
| 363 | 1070 | 1733 | 2208 | 2595 | 2949 | 6162 | 6619 | 7054 | 7498 | |
| 364 | 1071 | 1734 | 2209 | 2596 | 2950 | 6166 | 6620 | 7055 | 7499 | |
| 366 | 1072 | 1735 | 2213 | 2598 | 2951 | 6169 | 6621 | 7057 | 7500 | |
| 368 | 1074 | 1736 | 2214 | 2599 | 2952 | 6170 | 6622 | 7058 | 7504 | |
| 369 | 1075 | 1737 | 2215 | 2600 | 2953 | 6171 | 6623 | 7059 | 7506 | |
| 370 | 1076 | 1738 | 2220 | 2601 | 2954 | 6175 | 6624 | 7060 | 7507 | |
| 372 | 1077 | 1740 | 2222 | 2602 | 2955 | 6176 | 6625 | 7061 | 7508 | |

【１３７０】

【表Ｄ８－７】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 374 | 1078 | 1741 | 2223 | 2603 | 2957 | 6177 | 6626 | 7062 | 7509 | |
| 375 | 1079 | 1742 | 2224 | 2605 | 2965 | 6180 | 6627 | 7064 | 7510 | |
| 376 | 1080 | 1743 | 2225 | 2606 | 2966 | 6181 | 6630 | 7065 | 7513 | |
| 377 | 1081 | 1744 | 2226 | 2607 | 2967 | 6182 | 6631 | 7066 | 7516 | |
| 382 | 1082 | 1746 | 2227 | 2608 | 2969 | 6183 | 6632 | 7067 | 7519 | |
| 384 | 1083 | 1747 | 2228 | 2610 | 2970 | 6189 | 6633 | 7068 | 7520 | |
| 386 | 1084 | 1748 | 2230 | 2611 | 2971 | 6190 | 6634 | 7069 | 7522 | |
| 388 | 1085 | 1751 | 2231 | 2612 | 2972 | 6194 | 6636 | 7070 | 7523 | |
| 389 | 1086 | 1752 | 2232 | 2614 | 2973 | 6196 | 6638 | 7072 | 7524 | |
| 390 | 1088 | 1754 | 2233 | 2615 | 2974 | 6198 | 6639 | 7073 | 7525 | |
| 391 | 1089 | 1756 | 2235 | 2616 | 2975 | 6199 | 6640 | 7075 | 7526 | |
| 392 | 1091 | 1759 | 2236 | 2617 | 2976 | 6200 | 6641 | 7076 | 7530 | |
| 393 | 1092 | 1764 | 2237 | 2618 | 2977 | 6202 | 6642 | 7079 | 7531 | |
| 394 | 1093 | 1765 | 2239 | 2619 | 2978 | 6203 | 6643 | 7080 | 7532 | |
| 395 | 1096 | 1767 | 2241 | 2620 | 2981 | 6205 | 6644 | 7082 | 7533 | |
| 397 | 1115 | 1768 | 2243 | 2621 | 2982 | 6206 | 6645 | 7084 | 7535 | |
| 398 | 1116 | 1769 | 2244 | 2622 | 2983 | 6208 | 6646 | 7085 | 7536 | |
| 399 | 1118 | 1770 | 2245 | 2623 | 2984 | 6209 | 6647 | 7086 | 7537 | |
| 403 | 1127 | 1771 | 2246 | 2624 | 2985 | 6211 | 6648 | 7087 | 7538 | |
| 404 | 1129 | 1772 | 2247 | 2625 | 2987 | 6213 | 6649 | 7088 | 7541 | |
| 405 | 1137 | 1773 | 2248 | 2626 | 2989 | 6216 | 6650 | 7089 | 7544 | |
| 406 | 1138 | 1774 | 2249 | 2627 | 2990 | 6219 | 6651 | 7091 | 7545 | |
| 407 | 1143 | 1777 | 2250 | 2628 | 2991 | 6220 | 6652 | 7092 | 7546 | |
| 413 | 1145 | 1778 | 2252 | 2629 | 2992 | 6221 | 6653 | 7093 | 7547 | |
| 460 | 1150 | 1780 | 2253 | 2630 | 2994 | 6224 | 6654 | 7094 | 7548 | |
| 474 | 1154 | 1781 | 2255 | 2631 | 2995 | 6225 | 6657 | 7095 | 7550 | |
| 480 | 1155 | 1782 | 2256 | 2632 | 2996 | 6228 | 6658 | 7096 | 7551 | |
| 489 | 1156 | 1785 | 2257 | 2633 | 2997 | 6229 | 6659 | 7100 | 7552 | |
| 498 | 1157 | 1786 | 2260 | 2634 | 2998 | 6230 | 6660 | 7101 | 7553 | |
| 517 | 1159 | 1789 | 2261 | 2635 | 2999 | 6231 | 6662 | 7102 | 7554 | |
| 519 | 1161 | 1790 | 2262 | 2636 | 3002 | 6232 | 6663 | 7103 | 7555 | |
| 524 | 1163 | 1791 | 2263 | 2637 | 3005 | 6233 | 6664 | 7104 | 7556 | |
| 528 | 1164 | 1793 | 2265 | 2638 | 3006 | 6234 | 6666 | 7105 | 7557 | |
| 534 | 1168 | 1794 | 2266 | 2639 | 3007 | 6235 | 6667 | 7106 | 7558 | |
| 536 | 1169 | 1796 | 2270 | 2640 | 3008 | 6237 | 6670 | 7107 | 7559 | |
| 541 | 1170 | 1799 | 2271 | 2641 | 3009 | 6238 | 6673 | 7108 | 7560 | |
| 550 | 1171 | 1800 | 2272 | 2642 | 3010 | 6242 | 6674 | 7110 | 7562 | |
| 555 | 1172 | 1801 | 2273 | 2643 | 3011 | 6246 | 6675 | 7111 | 7567 | |
| 556 | 1176 | 1802 | 2275 | 2644 | 3012 | 6247 | 6676 | 7113 | 7569 | |
| 564 | 1193 | 1804 | 2276 | 2645 | 3013 | 6248 | 6677 | 7117 | 7570 | |
| 568 | 1195 | 1805 | 2278 | 2646 | 3014 | 6251 | 6678 | 7120 | 7571 | |

【１３７１】

【表Ｄ８－８】

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 569 | 1196 | 1810 | 2280 | 2647 | 3015 | 6252 | 6679 | 7121 | 7572 | |
| 571 | 1197 | 1811 | 2281 | 2648 | 3018 | 6253 | 6682 | 7122 | 7573 | |
| 580 | 1198 | 1812 | 2282 | 2649 | 3019 | 6256 | 6683 | 7124 | 7574 | |
| 581 | 1199 | 1813 | 2283 | 2650 | 3020 | 6257 | 6684 | 7126 | 7575 | |
| 586 | 1200 | 1816 | 2286 | 2651 | 3021 | 6258 | 6685 | 7127 | 7576 | |
| 587 | 1201 | 1823 | 2287 | 2652 | 3022 | 6259 | 6686 | 7129 | 7577 | |
| 588 | 1202 | 1824 | 2289 | 2653 | 3024 | 6260 | 6687 | 7130 | 7578 | |
| 590 | 1203 | 1827 | 2291 | 2654 | 3025 | 6262 | 6688 | 7131 | 7582 | |
| 591 | 1204 | 1829 | 2294 | 2655 | 3026 | 6263 | 6690 | 7132 | 7583 | |
| 592 | 1205 | 1831 | 2295 | 2656 | 3027 | 6265 | 6691 | 7134 | 7584 | |
| 593 | 1206 | 1835 | 2299 | 2657 | 3028 | 6267 | 6692 | 7135 | 7585 | |
| 594 | 1207 | 1854 | 2300 | 2658 | 3030 | 6268 | 6695 | 7137 | 7586 | |
| 595 | 1208 | 1855 | 2301 | 2659 | 3031 | 6269 | 6696 | 7139 | 7587 | |
| 599 | 1209 | 1856 | 2302 | 2660 | 3035 | 6270 | 6697 | 7141 | 7588 | |
| 602 | 1210 | 1857 | 2303 | 2661 | 3036 | 6271 | 6698 | 7142 | 7590 | |
| 603 | 1212 | 1858 | 2304 | 2662 | 3037 | 6272 | 6699 | 7144 | 7592 | |
| 611 | 1213 | 1859 | 2305 | 2663 | 3038 | 6273 | 6700 | 7145 | 7594 | |
| 613 | 1214 | 1860 | 2306 | 2664 | 3039 | 6274 | 6701 | 7146 | 7596 | |
| 616 | 1215 | 1861 | 2307 | 2665 | 3040 | 6275 | 6702 | 7147 | 7597 | |
| 628 | 1216 | 1862 | 2308 | 2666 | 3041 | 6276 | 6704 | 7148 | 7598 | |
| 638 | 1217 | 1863 | 2309 | 2667 | 3042 | 6278 | 6706 | 7149 | 7599 | |
| 645 | 1218 | 1864 | 2310 | 2670 | 3043 | 6279 | 6707 | 7150 | 7600 | |
| 647 | 1219 | 1865 | 2311 | 2672 | 3044 | 6280 | 6708 | 7151 | 7601 | |
| 648 | 1220 | 1866 | 2312 | 2673 | 3045 | 6282 | 6709 | 7152 | 7602 | |
| 649 | 1222 | 1867 | 2313 | 2674 | 3046 | 6283 | 6711 | 7153 | 7603 | |
| 651 | 1223 | 1868 | 2314 | 2675 | 3047 | 6284 | 6712 | 7154 | 7604 | |
| 654 | 1224 | 1869 | 2315 | 2676 | 3048 | 6285 | 6714 | 7155 | 7605 | |
| 659 | 1225 | 1870 | 2316 | 2677 | 3049 | 6286 | 6715 | 7156 | 7606 | |
| 660 | 1227 | 1871 | 2317 | 2678 | 3050 | 6287 | 6716 | 7158 | 7608 | |
| 662 | 1228 | 1872 | 2318 | 2679 | 3051 | 6288 | 6717 | 7159 | 7609 | |
| 674 | 1230 | 1874 | 2319 | 2681 | 3052 | 6290 | 6719 | 7160 | 7610 | |
| 675 | 1232 | 1875 | 2320 | 2684 | 3053 | 6291 | 6720 | 7164 | 7611 | |
| 676 | 1233 | 1876 | 2321 | 2685 | 3054 | 6293 | 6721 | 7165 | 7614 | |
| 677 | 1235 | 1877 | 2322 | 2686 | 3055 | 6294 | 6725 | 7169 | 7615 | |
| 681 | 1237 | 1878 | 2323 | 2687 | 3056 | 6296 | 6726 | 7171 | 7616 | |
| 704 | 1238 | 1880 | 2324 | 2688 | 3057 | 6297 | 6727 | 7172 | 7618 | |
| 722 | 1239 | 1881 | 2325 | 2689 | 3058 | 6299 | 6728 | 7173 | 7619 | |

【１３７２】

総合すると、様々な分析は、試験される３つ以上の条件又はレプリケートにおいて少なくとも１以上のＺスコアを有していたライブラリー内の約６２５の遺伝子組換えポリペプチド、及び少なくとも１つの条件において少なくとも１以上のＺスコアを有していたライブラリー内の約４６２５遺伝子組換えポリペプチドを同定した（これらは、それぞれ表Ｄ９及びＤ１０に列挙される配列番号のいずれか１つに従うアミノ酸配列を有する遺伝子組換えポリペプチドを含む）。

【１３７３】

【表Ｄ９－１】

表D9. 試験される3つ以上の条件又はレプリケートにおいて少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 34 | 883 | 1376 | 1942 | 2332 | 2619 | 2817 | 3076 | 6567 |
| 35 | 884 | 1377 | 1943 | 2333 | 2620 | 2818 | 3079 | 6568 |
| 36 | 890 | 1380 | 1945 | 2335 | 2622 | 2820 | 3083 | 6591 |
| 37 | 898 | 1381 | 1949 | 2338 | 2623 | 2822 | 3084 | 6738 |
| 38 | 900 | 1382 | 1951 | 2342 | 2624 | 2823 | 3085 | 6760 |
| 39 | 901 | 1383 | 1953 | 2343 | 2627 | 2825 | 3087 | 6761 |
| 40 | 912 | 1384 | 1961 | 2345 | 2629 | 2826 | 3091 | 6783 |
| 41 | 915 | 1385 | 1967 | 2346 | 2631 | 2830 | 3093 | 6788 |
| 48 | 929 | 1389 | 1968 | 2347 | 2632 | 2833 | 3094 | 6876 |
| 49 | 933 | 1390 | 1970 | 2353 | 2633 | 2835 | 3096 | 6883 |
| 62 | 958 | 1394 | 1976 | 2359 | 2634 | 2836 | 3099 | 6925 |
| 97 | 960 | 1397 | 1978 | 2360 | 2636 | 2838 | 3103 | 6998 |
| 113 | 961 | 1399 | 1991 | 2363 | 2638 | 2840 | 3107 | 7036 |
| 117 | 963 | 1400 | 1992 | 2364 | 2639 | 2850 | 3108 | 7067 |
| 121 | 964 | 1401 | 2048 | 2365 | 2644 | 2865 | 3111 | 7103 |
| 123 | 966 | 1402 | 2060 | 2370 | 2647 | 2871 | 3112 | 7121 |
| 139 | 967 | 1404 | 2086 | 2371 | 2648 | 2874 | 3116 | 7142 |
| 140 | 978 | 1405 | 2091 | 2382 | 2649 | 2877 | 3120 | 7154 |
| 141 | 987 | 1406 | 2092 | 2395 | 2653 | 2878 | 3121 | 7242 |
| 142 | 1006 | 1410 | 2093 | 2400 | 2654 | 2880 | 3123 | 7262 |
| 144 | 1007 | 1415 | 2094 | 2403 | 2656 | 2881 | 3124 | 7267 |
| 147 | 1008 | 1419 | 2104 | 2405 | 2657 | 2886 | 3125 | 7293 |
| 156 | 1009 | 1422 | 2112 | 2449 | 2660 | 2887 | 3126 | 7335 |
| 190 | 1011 | 1423 | 2114 | 2503 | 2666 | 2888 | 3130 | 7397 |
| 191 | 1012 | 1424 | 2115 | 2504 | 2667 | 2890 | 3136 | 7443 |
| 192 | 1015 | 1441 | 2117 | 2505 | 2675 | 2893 | 4501 | 7476 |
| 195 | 1016 | 1540 | 2132 | 2506 | 2676 | 2895 | 4502 | 7496 |
| 199 | 1017 | 1543 | 2137 | 2507 | 2678 | 2901 | 4503 | 7509 |
| 212 | 1018 | 1550 | 2144 | 2508 | 2681 | 2903 | 4504 | 7555 |
| 213 | 1019 | 1553 | 2145 | 2510 | 2700 | 2904 | 4505 | 7587 |
| 219 | 1020 | 1616 | 2148 | 2511 | 2701 | 2905 | 4506 | 7588 |
| 228 | 1021 | 1618 | 2149 | 2512 | 2711 | 2909 | 4507 | 7660 |
| 232 | 1022 | 1619 | 2158 | 2513 | 2712 | 2913 | 4508 | 7667 |
| 239 | 1023 | 1666 | 2161 | 2514 | 2713 | 2914 | 4509 | |

【１３７４】

【表Ｄ９－２】

| | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 252 | 1025 | 1668 | 2165 | 2515 | 2714 | 2916 | 4510 | |
| 258 | 1029 | 1672 | 2172 | 2518 | 2715 | 2920 | 4511 | |
| 268 | 1033 | 1677 | 2174 | 2519 | 2716 | 2922 | 4512 | |
| 300 | 1034 | 1679 | 2192 | 2521 | 2718 | 2927 | 4513 | |
| 303 | 1037 | 1682 | 2196 | 2525 | 2721 | 2928 | 4514 | |
| 313 | 1038 | 1686 | 2225 | 2526 | 2723 | 2929 | 4515 | |
| 316 | 1039 | 1690 | 2226 | 2527 | 2726 | 2930 | 4516 | |
| 317 | 1043 | 1691 | 2227 | 2528 | 2731 | 2932 | 4517 | |
| 318 | 1044 | 1695 | 2231 | 2529 | 2734 | 2933 | 4518 | |
| 320 | 1046 | 1698 | 2235 | 2530 | 2737 | 2937 | 4519 | |
| 332 | 1047 | 1721 | 2236 | 2531 | 2741 | 2943 | 4520 | |
| 341 | 1049 | 1754 | 2249 | 2534 | 2744 | 2948 | 4521 | |
| 346 | 1052 | 1759 | 2280 | 2535 | 2745 | 2950 | 4522 | |
| 352 | 1056 | 1769 | 2299 | 2536 | 2748 | 2953 | 4523 | |
| 363 | 1059 | 1770 | 2300 | 2539 | 2760 | 2957 | 4524 | |
| 384 | 1060 | 1772 | 2301 | 2542 | 2772 | 2966 | 4525 | |
| 386 | 1061 | 1773 | 2302 | 2544 | 2780 | 2967 | 4526 | |
| 392 | 1076 | 1856 | 2303 | 2547 | 2781 | 2972 | 4527 | |
| 396 | 1083 | 1857 | 2304 | 2548 | 2782 | 2976 | 4528 | |
| 480 | 1093 | 1860 | 2305 | 2550 | 2783 | 2982 | 4529 | |
| 550 | 1115 | 1861 | 2308 | 2551 | 2784 | 2983 | 4530 | |
| 590 | 1137 | 1863 | 2309 | 2553 | 2786 | 2991 | 4531 | |
| 591 | 1168 | 1864 | 2311 | 2556 | 2787 | 2995 | 4532 | |
| 647 | 1171 | 1865 | 2312 | 2559 | 2788 | 3007 | 4533 | |
| 715 | 1197 | 1867 | 2313 | 2561 | 2789 | 3014 | 4534 | |
| 800 | 1198 | 1868 | 2314 | 2562 | 2790 | 3015 | 4535 | |
| 801 | 1202 | 1870 | 2315 | 2566 | 2791 | 3018 | 4536 | |
| 804 | 1203 | 1871 | 2316 | 2568 | 2792 | 3026 | 4537 | |
| 805 | 1210 | 1874 | 2317 | 2573 | 2794 | 3035 | 4538 | |
| 806 | 1216 | 1875 | 2319 | 2578 | 2795 | 3039 | 4539 | |
| 818 | 1219 | 1876 | 2320 | 2583 | 2797 | 3042 | 4540 | |
| 819 | 1225 | 1877 | 2322 | 2585 | 2798 | 3044 | 4541 | |
| 871 | 1235 | 1881 | 2323 | 2592 | 2800 | 3045 | 6030 | |
| 872 | 1242 | 1883 | 2324 | 2599 | 2801 | 3052 | 6073 | |
| 873 | 1262 | 1889 | 2325 | 2610 | 2802 | 3053 | 6091 | |
| 874 | 1371 | 1899 | 2326 | 2611 | 2804 | 3057 | 6181 | |
| 876 | 1372 | 1937 | 2327 | 2612 | 2808 | 3059 | 6312 | |
| 878 | 1373 | 1938 | 2328 | 2614 | 2810 | 3063 | 6402 | |
| 880 | 1374 | 1939 | 2329 | 2615 | 2813 | 3065 | 6434 | |
| 882 | 1375 | 1940 | 2331 | 2618 | 2815 | 3067 | 6505 | |

【１３７５】

【表Ｄ１０－１】

表D10. 少なくとも1つの条件において少なくとも1以上のZスコアを有する遺伝子組換えポリペプチド候補。

| 配列番号 | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 596 | 1217 | 1846 | 2365 | 2884 | 6111 | 6610 | 7109 | 7608 |
| 2 | 597 | 1218 | 1847 | 2366 | 2885 | 6112 | 6611 | 7110 | 7609 |
| 3 | 598 | 1219 | 1848 | 2367 | 2886 | 6113 | 6612 | 7111 | 7610 |
| 4 | 599 | 1220 | 1849 | 2368 | 2887 | 6114 | 6613 | 7112 | 7611 |
| 5 | 600 | 1221 | 1850 | 2369 | 2888 | 6115 | 6614 | 7113 | 7612 |
| 6 | 601 | 1222 | 1851 | 2370 | 2889 | 6116 | 6615 | 7114 | 7613 |
| 7 | 602 | 1223 | 1852 | 2371 | 2890 | 6117 | 6616 | 7115 | 7614 |
| 9 | 603 | 1224 | 1853 | 2372 | 2891 | 6118 | 6617 | 7116 | 7615 |
| 10 | 604 | 1225 | 1854 | 2373 | 2892 | 6119 | 6618 | 7117 | 7616 |
| 12 | 605 | 1226 | 1855 | 2374 | 2893 | 6120 | 6619 | 7118 | 7617 |
| 13 | 606 | 1227 | 1856 | 2375 | 2894 | 6121 | 6620 | 7119 | 7618 |
| 14 | 607 | 1228 | 1857 | 2376 | 2895 | 6122 | 6621 | 7120 | 7619 |
| 17 | 610 | 1229 | 1858 | 2377 | 2896 | 6123 | 6622 | 7121 | 7620 |
| 18 | 611 | 1230 | 1859 | 2378 | 2897 | 6124 | 6623 | 7122 | 7621 |
| 19 | 613 | 1231 | 1860 | 2379 | 2898 | 6125 | 6624 | 7123 | 7622 |
| 22 | 614 | 1232 | 1861 | 2380 | 2899 | 6126 | 6625 | 7124 | 7623 |
| 24 | 616 | 1233 | 1862 | 2381 | 2900 | 6127 | 6626 | 7125 | 7624 |
| 28 | 617 | 1234 | 1863 | 2382 | 2901 | 6128 | 6627 | 7126 | 7625 |
| 33 | 618 | 1235 | 1864 | 2383 | 2902 | 6129 | 6628 | 7127 | 7626 |
| 34 | 624 | 1236 | 1865 | 2384 | 2903 | 6130 | 6629 | 7128 | 7627 |
| 35 | 625 | 1237 | 1866 | 2385 | 2904 | 6131 | 6630 | 7129 | 7628 |
| 36 | 626 | 1238 | 1867 | 2386 | 2905 | 6132 | 6631 | 7130 | 7629 |
| 37 | 628 | 1239 | 1868 | 2387 | 2906 | 6133 | 6632 | 7131 | 7630 |
| 38 | 631 | 1240 | 1869 | 2388 | 2907 | 6134 | 6633 | 7132 | 7631 |
| 39 | 632 | 1241 | 1870 | 2389 | 2908 | 6135 | 6634 | 7133 | 7632 |
| 40 | 633 | 1242 | 1871 | 2390 | 2909 | 6136 | 6635 | 7134 | 7633 |
| 41 | 634 | 1243 | 1872 | 2391 | 2910 | 6137 | 6636 | 7135 | 7634 |
| 42 | 636 | 1244 | 1873 | 2392 | 2911 | 6138 | 6637 | 7136 | 7635 |
| 43 | 638 | 1245 | 1874 | 2393 | 2912 | 6139 | 6638 | 7137 | 7636 |
| 44 | 640 | 1246 | 1875 | 2394 | 2913 | 6140 | 6639 | 7138 | 7637 |
| 45 | 645 | 1247 | 1876 | 2395 | 2914 | 6141 | 6640 | 7139 | 7638 |
| 46 | 647 | 1248 | 1877 | 2396 | 2915 | 6142 | 6641 | 7140 | 7639 |
| 47 | 648 | 1249 | 1878 | 2397 | 2916 | 6143 | 6642 | 7141 | 7640 |
| 48 | 649 | 1250 | 1879 | 2398 | 2917 | 6144 | 6643 | 7142 | 7641 |
| 49 | 650 | 1251 | 1880 | 2399 | 2918 | 6145 | 6644 | 7143 | 7642 |
| 50 | 651 | 1252 | 1881 | 2400 | 2919 | 6146 | 6645 | 7144 | 7643 |
| 51 | 652 | 1253 | 1882 | 2401 | 2920 | 6147 | 6646 | 7145 | 7644 |

【１３７６】

【表Ｄ１０－２】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 52 | 653 | 1254 | 1883 | 2402 | 2921 | 6148 | 6647 | 7146 | 7645 |
| 53 | 654 | 1255 | 1884 | 2403 | 2922 | 6149 | 6648 | 7147 | 7646 |
| 54 | 655 | 1256 | 1885 | 2404 | 2923 | 6150 | 6649 | 7148 | 7647 |
| 55 | 656 | 1257 | 1886 | 2405 | 2924 | 6151 | 6650 | 7149 | 7648 |
| 56 | 657 | 1258 | 1887 | 2406 | 2925 | 6152 | 6651 | 7150 | 7649 |
| 57 | 659 | 1259 | 1888 | 2407 | 2926 | 6153 | 6652 | 7151 | 7650 |
| 58 | 660 | 1260 | 1889 | 2408 | 2927 | 6154 | 6653 | 7152 | 7651 |
| 59 | 661 | 1261 | 1890 | 2409 | 2928 | 6155 | 6654 | 7153 | 7652 |
| 60 | 662 | 1262 | 1891 | 2410 | 2929 | 6156 | 6655 | 7154 | 7653 |
| 61 | 663 | 1263 | 1892 | 2411 | 2930 | 6157 | 6656 | 7155 | 7654 |
| 62 | 664 | 1264 | 1893 | 2412 | 2931 | 6158 | 6657 | 7156 | 7655 |
| 63 | 666 | 1265 | 1894 | 2413 | 2932 | 6159 | 6658 | 7157 | 7656 |
| 64 | 667 | 1266 | 1895 | 2414 | 2933 | 6160 | 6659 | 7158 | 7657 |
| 65 | 668 | 1267 | 1896 | 2415 | 2934 | 6161 | 6660 | 7159 | 7658 |
| 66 | 669 | 1268 | 1897 | 2416 | 2935 | 6162 | 6661 | 7160 | 7659 |
| 67 | 670 | 1269 | 1898 | 2417 | 2936 | 6163 | 6662 | 7161 | 7660 |
| 68 | 673 | 1270 | 1899 | 2418 | 2937 | 6164 | 6663 | 7162 | 7661 |
| 69 | 674 | 1271 | 1900 | 2419 | 2938 | 6165 | 6664 | 7163 | 7662 |
| 70 | 675 | 1272 | 1901 | 2420 | 2939 | 6166 | 6665 | 7164 | 7663 |
| 71 | 676 | 1273 | 1902 | 2422 | 2940 | 6167 | 6666 | 7165 | 7664 |
| 72 | 677 | 1274 | 1903 | 2423 | 2941 | 6168 | 6667 | 7166 | 7665 |
| 73 | 678 | 1275 | 1904 | 2424 | 2942 | 6169 | 6668 | 7167 | 7666 |
| 74 | 679 | 1276 | 1905 | 2425 | 2943 | 6170 | 6669 | 7168 | 7667 |
| 75 | 680 | 1277 | 1906 | 2426 | 2944 | 6171 | 6670 | 7169 | 7668 |
| 76 | 681 | 1278 | 1907 | 2427 | 2945 | 6172 | 6671 | 7170 | 7669 |
| 77 | 684 | 1279 | 1908 | 2431 | 2946 | 6173 | 6672 | 7171 | 7670 |
| 78 | 687 | 1280 | 1909 | 2436 | 2947 | 6174 | 6673 | 7172 | 7671 |
| 79 | 689 | 1281 | 1910 | 2438 | 2948 | 6175 | 6674 | 7173 | 7672 |
| 80 | 690 | 1282 | 1911 | 2440 | 2949 | 6176 | 6675 | 7174 | 7673 |
| 81 | 692 | 1288 | 1912 | 2441 | 2950 | 6177 | 6676 | 7175 | 7674 |
| 82 | 694 | 1290 | 1913 | 2442 | 2951 | 6178 | 6677 | 7176 | 7675 |
| 83 | 700 | 1295 | 1914 | 2443 | 2952 | 6179 | 6678 | 7177 | 7676 |
| 84 | 702 | 1296 | 1915 | 2444 | 2953 | 6180 | 6679 | 7178 | 7677 |
| 85 | 704 | 1298 | 1916 | 2445 | 2954 | 6181 | 6680 | 7179 | 7678 |
| 86 | 706 | 1299 | 1917 | 2446 | 2955 | 6182 | 6681 | 7180 | 7679 |
| 87 | 707 | 1301 | 1918 | 2447 | 2957 | 6183 | 6682 | 7181 | 7680 |
| 88 | 711 | 1302 | 1919 | 2448 | 2958 | 6184 | 6683 | 7182 | 7681 |
| 89 | 715 | 1304 | 1920 | 2449 | 2959 | 6185 | 6684 | 7183 | 7682 |
| 90 | 716 | 1305 | 1921 | 2450 | 2960 | 6186 | 6685 | 7184 | 7683 |
| 91 | 717 | 1308 | 1922 | 2451 | 2962 | 6187 | 6686 | 7185 | 7684 |
| 92 | 719 | 1311 | 1923 | 2452 | 2965 | 6188 | 6687 | 7186 | 7685 |

【１３７７】

【表Ｄ１０－３】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 93 | 720 | 1312 | 1924 | 2453 | 2966 | 6189 | 6688 | 7187 | 7686 |
| 94 | 722 | 1314 | 1925 | 2454 | 2967 | 6190 | 6689 | 7188 | 7687 |
| 95 | 724 | 1315 | 1926 | 2455 | 2968 | 6191 | 6690 | 7189 | 7688 |
| 96 | 726 | 1319 | 1927 | 2456 | 2969 | 6192 | 6691 | 7190 | 7689 |
| 97 | 727 | 1320 | 1928 | 2457 | 2970 | 6193 | 6692 | 7191 | 7690 |
| 98 | 728 | 1322 | 1929 | 2458 | 2971 | 6194 | 6693 | 7192 | 7691 |
| 99 | 729 | 1324 | 1931 | 2459 | 2972 | 6195 | 6694 | 7193 | 7692 |
| 100 | 731 | 1326 | 1932 | 2460 | 2973 | 6196 | 6695 | 7194 | 7693 |
| 101 | 738 | 1327 | 1933 | 2461 | 2974 | 6197 | 6696 | 7195 | 7694 |
| 102 | 739 | 1328 | 1934 | 2462 | 2975 | 6198 | 6697 | 7196 | 7695 |
| 103 | 740 | 1329 | 1935 | 2463 | 2976 | 6199 | 6698 | 7197 | 7696 |
| 104 | 745 | 1330 | 1936 | 2464 | 2977 | 6200 | 6699 | 7198 | 7697 |
| 105 | 746 | 1338 | 1937 | 2465 | 2978 | 6201 | 6700 | 7199 | 7698 |
| 106 | 747 | 1340 | 1938 | 2466 | 2979 | 6202 | 6701 | 7200 | 7699 |
| 107 | 755 | 1342 | 1939 | 2467 | 2980 | 6203 | 6702 | 7201 | 7700 |
| 108 | 756 | 1343 | 1940 | 2468 | 2981 | 6204 | 6703 | 7202 | 7701 |
| 110 | 759 | 1346 | 1941 | 2469 | 2982 | 6205 | 6704 | 7203 | 7702 |
| 111 | 765 | 1347 | 1942 | 2470 | 2983 | 6206 | 6705 | 7204 | 7703 |
| 112 | 766 | 1348 | 1943 | 2471 | 2984 | 6207 | 6706 | 7205 | 7704 |
| 113 | 767 | 1349 | 1944 | 2472 | 2985 | 6208 | 6707 | 7206 | 7705 |
| 114 | 768 | 1350 | 1945 | 2473 | 2986 | 6209 | 6708 | 7207 | 7706 |
| 115 | 769 | 1351 | 1946 | 2474 | 2987 | 6210 | 6709 | 7208 | 7707 |
| 116 | 770 | 1353 | 1947 | 2476 | 2988 | 6211 | 6710 | 7209 | 7708 |
| 117 | 771 | 1354 | 1948 | 2477 | 2989 | 6212 | 6711 | 7210 | 7709 |
| 118 | 772 | 1357 | 1949 | 2478 | 2990 | 6213 | 6712 | 7211 | 7710 |
| 119 | 773 | 1359 | 1950 | 2479 | 2991 | 6214 | 6713 | 7212 | 7711 |
| 120 | 774 | 1362 | 1951 | 2480 | 2992 | 6215 | 6714 | 7213 | 7712 |
| 121 | 775 | 1365 | 1952 | 2481 | 2993 | 6216 | 6715 | 7214 | 7713 |
| 122 | 776 | 1366 | 1953 | 2482 | 2994 | 6217 | 6716 | 7215 | 7714 |
| 123 | 777 | 1369 | 1954 | 2483 | 2995 | 6218 | 6717 | 7216 | 7715 |
| 124 | 780 | 1370 | 1955 | 2484 | 2996 | 6219 | 6718 | 7217 | 7716 |
| 125 | 781 | 1371 | 1956 | 2485 | 2997 | 6220 | 6719 | 7218 | 7717 |
| 126 | 782 | 1372 | 1957 | 2486 | 2998 | 6221 | 6720 | 7219 | 7718 |
| 127 | 783 | 1373 | 1958 | 2488 | 2999 | 6222 | 6721 | 7220 | 7719 |
| 128 | 784 | 1374 | 1959 | 2489 | 3001 | 6223 | 6722 | 7221 | 7720 |
| 129 | 785 | 1375 | 1960 | 2490 | 3002 | 6224 | 6723 | 7222 | 7721 |
| 130 | 789 | 1376 | 1961 | 2491 | 3003 | 6225 | 6724 | 7223 | 7722 |
| 131 | 790 | 1377 | 1962 | 2492 | 3004 | 6226 | 6725 | 7224 | 7723 |
| 132 | 794 | 1378 | 1963 | 2496 | 3005 | 6227 | 6726 | 7225 | 7724 |
| 133 | 797 | 1379 | 1964 | 2497 | 3006 | 6228 | 6727 | 7226 | 7725 |
| 134 | 798 | 1380 | 1965 | 2498 | 3007 | 6229 | 6728 | 7227 | 7726 |

【１３７８】

【表Ｄ１０－４】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 135 | 799 | 1381 | 1966 | 2501 | 3008 | 6230 | 6729 | 7228 | 7727 |
| 136 | 800 | 1382 | 1967 | 2502 | 3009 | 6231 | 6730 | 7229 | 7728 |
| 137 | 801 | 1383 | 1968 | 2503 | 3010 | 6232 | 6731 | 7230 | 7729 |
| 138 | 802 | 1384 | 1969 | 2504 | 3011 | 6233 | 6732 | 7231 | 7730 |
| 139 | 803 | 1385 | 1970 | 2505 | 3012 | 6234 | 6733 | 7232 | 7731 |
| 140 | 804 | 1386 | 1971 | 2506 | 3013 | 6235 | 6734 | 7233 | 7732 |
| 141 | 805 | 1387 | 1972 | 2507 | 3014 | 6236 | 6735 | 7234 | 7733 |
| 142 | 806 | 1388 | 1973 | 2508 | 3015 | 6237 | 6736 | 7235 | 7734 |
| 143 | 807 | 1389 | 1974 | 2509 | 3016 | 6238 | 6737 | 7236 | 7735 |
| 144 | 808 | 1390 | 1975 | 2510 | 3017 | 6239 | 6738 | 7237 | 7736 |
| 145 | 809 | 1391 | 1976 | 2511 | 3018 | 6240 | 6739 | 7238 | 7737 |
| 146 | 810 | 1392 | 1977 | 2512 | 3019 | 6241 | 6740 | 7239 | 7738 |
| 147 | 811 | 1393 | 1978 | 2513 | 3020 | 6242 | 6741 | 7240 | 7739 |
| 148 | 812 | 1394 | 1979 | 2514 | 3021 | 6243 | 6742 | 7241 | 7740 |
| 149 | 813 | 1395 | 1980 | 2515 | 3022 | 6244 | 6743 | 7242 | 7741 |
| 150 | 814 | 1396 | 1981 | 2516 | 3023 | 6245 | 6744 | 7243 | 7742 |
| 151 | 815 | 1397 | 1982 | 2517 | 3024 | 6246 | 6745 | 7244 | 7743 |
| 152 | 816 | 1398 | 1983 | 2518 | 3025 | 6247 | 6746 | 7245 | |
| 153 | 817 | 1399 | 1984 | 2519 | 3026 | 6248 | 6747 | 7246 | |
| 154 | 818 | 1400 | 1985 | 2520 | 3027 | 6249 | 6748 | 7247 | |
| 155 | 819 | 1401 | 1986 | 2521 | 3028 | 6250 | 6749 | 7248 | |
| 156 | 820 | 1402 | 1987 | 2522 | 3029 | 6251 | 6750 | 7249 | |
| 157 | 821 | 1403 | 1988 | 2523 | 3030 | 6252 | 6751 | 7250 | |
| 158 | 822 | 1404 | 1989 | 2524 | 3031 | 6253 | 6752 | 7251 | |
| 159 | 823 | 1405 | 1990 | 2525 | 3032 | 6254 | 6753 | 7252 | |
| 160 | 824 | 1406 | 1991 | 2526 | 3033 | 6255 | 6754 | 7253 | |
| 161 | 825 | 1407 | 1992 | 2527 | 3034 | 6256 | 6755 | 7254 | |
| 162 | 826 | 1408 | 1993 | 2528 | 3035 | 6257 | 6756 | 7255 | |
| 163 | 827 | 1409 | 1994 | 2529 | 3036 | 6258 | 6757 | 7256 | |
| 164 | 828 | 1410 | 1995 | 2530 | 3037 | 6259 | 6758 | 7257 | |
| 165 | 829 | 1411 | 1996 | 2531 | 3038 | 6260 | 6759 | 7258 | |
| 166 | 830 | 1412 | 1997 | 2532 | 3039 | 6261 | 6760 | 7259 | |
| 167 | 831 | 1413 | 1998 | 2533 | 3040 | 6262 | 6761 | 7260 | |
| 168 | 832 | 1414 | 1999 | 2534 | 3041 | 6263 | 6762 | 7261 | |
| 169 | 833 | 1415 | 2000 | 2535 | 3042 | 6264 | 6763 | 7262 | |
| 170 | 834 | 1416 | 2001 | 2536 | 3043 | 6265 | 6764 | 7263 | |
| 171 | 835 | 1417 | 2002 | 2537 | 3044 | 6266 | 6765 | 7264 | |
| 172 | 836 | 1418 | 2003 | 2538 | 3045 | 6267 | 6766 | 7265 | |
| 173 | 837 | 1419 | 2004 | 2539 | 3046 | 6268 | 6767 | 7266 | |
| 174 | 839 | 1420 | 2005 | 2540 | 3047 | 6269 | 6768 | 7267 | |
| 175 | 840 | 1421 | 2006 | 2541 | 3048 | 6270 | 6769 | 7268 | |

【１３７９】

【表Ｄ１０－５】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 176 | 841 | 1422 | 2007 | 2542 | 3049 | 6271 | 6770 | 7269 | |
| 177 | 842 | 1423 | 2008 | 2543 | 3050 | 6272 | 6771 | 7270 | |
| 178 | 843 | 1424 | 2009 | 2544 | 3051 | 6273 | 6772 | 7271 | |
| 179 | 844 | 1425 | 2010 | 2545 | 3052 | 6274 | 6773 | 7272 | |
| 180 | 845 | 1426 | 2011 | 2546 | 3053 | 6275 | 6774 | 7273 | |
| 181 | 846 | 1427 | 2012 | 2547 | 3054 | 6276 | 6775 | 7274 | |
| 182 | 847 | 1428 | 2013 | 2548 | 3055 | 6277 | 6776 | 7275 | |
| 183 | 848 | 1429 | 2014 | 2549 | 3056 | 6278 | 6777 | 7276 | |
| 184 | 849 | 1430 | 2015 | 2550 | 3057 | 6279 | 6778 | 7277 | |
| 185 | 850 | 1431 | 2016 | 2551 | 3058 | 6280 | 6779 | 7278 | |
| 186 | 851 | 1432 | 2017 | 2552 | 3059 | 6281 | 6780 | 7279 | |
| 187 | 852 | 1433 | 2018 | 2553 | 3060 | 6282 | 6781 | 7280 | |
| 188 | 853 | 1434 | 2019 | 2554 | 3061 | 6283 | 6782 | 7281 | |
| 190 | 854 | 1435 | 2020 | 2555 | 3062 | 6284 | 6783 | 7282 | |
| 191 | 855 | 1436 | 2021 | 2556 | 3063 | 6285 | 6784 | 7283 | |
| 192 | 856 | 1437 | 2022 | 2557 | 3064 | 6286 | 6785 | 7284 | |
| 193 | 857 | 1439 | 2023 | 2558 | 3065 | 6287 | 6786 | 7285 | |
| 194 | 860 | 1440 | 2024 | 2559 | 3066 | 6288 | 6787 | 7286 | |
| 195 | 861 | 1441 | 2025 | 2560 | 3067 | 6289 | 6788 | 7287 | |
| 196 | 862 | 1442 | 2026 | 2561 | 3068 | 6290 | 6789 | 7288 | |
| 197 | 863 | 1443 | 2027 | 2562 | 3069 | 6291 | 6790 | 7289 | |
| 198 | 866 | 1444 | 2028 | 2563 | 3070 | 6292 | 6791 | 7290 | |
| 199 | 867 | 1445 | 2029 | 2564 | 3071 | 6293 | 6792 | 7291 | |
| 200 | 868 | 1446 | 2030 | 2565 | 3072 | 6294 | 6793 | 7292 | |
| 201 | 869 | 1447 | 2031 | 2566 | 3073 | 6295 | 6794 | 7293 | |
| 202 | 870 | 1448 | 2032 | 2567 | 3074 | 6296 | 6795 | 7294 | |
| 203 | 871 | 1449 | 2033 | 2568 | 3075 | 6297 | 6796 | 7295 | |
| 204 | 872 | 1450 | 2034 | 2569 | 3076 | 6298 | 6797 | 7296 | |
| 205 | 873 | 1451 | 2035 | 2570 | 3077 | 6299 | 6798 | 7297 | |
| 206 | 874 | 1452 | 2036 | 2571 | 3078 | 6300 | 6799 | 7298 | |
| 207 | 875 | 1454 | 2037 | 2572 | 3079 | 6301 | 6800 | 7299 | |
| 208 | 876 | 1455 | 2038 | 2573 | 3080 | 6302 | 6801 | 7300 | |
| 209 | 877 | 1456 | 2039 | 2574 | 3081 | 6303 | 6802 | 7301 | |
| 210 | 878 | 1460 | 2040 | 2575 | 3082 | 6304 | 6803 | 7302 | |
| 211 | 879 | 1462 | 2041 | 2576 | 3083 | 6305 | 6804 | 7303 | |
| 212 | 880 | 1465 | 2042 | 2577 | 3084 | 6306 | 6805 | 7304 | |
| 213 | 881 | 1469 | 2043 | 2578 | 3085 | 6307 | 6806 | 7305 | |
| 214 | 882 | 1471 | 2044 | 2579 | 3086 | 6308 | 6807 | 7306 | |
| 215 | 883 | 1473 | 2045 | 2580 | 3087 | 6309 | 6808 | 7307 | |
| 216 | 884 | 1475 | 2046 | 2581 | 3088 | 6310 | 6809 | 7308 | |
| 217 | 885 | 1488 | 2047 | 2582 | 3089 | 6311 | 6810 | 7309 | |

【１３８０】

【表Ｄ１０－６】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 218 | 886 | 1489 | 2048 | 2583 | 3090 | 6312 | 6811 | 7310 | |
| 219 | 887 | 1491 | 2049 | 2584 | 3091 | 6313 | 6812 | 7311 | |
| 220 | 888 | 1492 | 2050 | 2585 | 3092 | 6314 | 6813 | 7312 | |
| 221 | 889 | 1493 | 2051 | 2586 | 3093 | 6315 | 6814 | 7313 | |
| 222 | 890 | 1497 | 2052 | 2587 | 3094 | 6316 | 6815 | 7314 | |
| 223 | 891 | 1499 | 2053 | 2588 | 3095 | 6317 | 6816 | 7315 | |
| 224 | 892 | 1504 | 2054 | 2589 | 3096 | 6318 | 6817 | 7316 | |
| 225 | 893 | 1505 | 2055 | 2590 | 3097 | 6319 | 6818 | 7317 | |
| 226 | 894 | 1506 | 2056 | 2591 | 3098 | 6320 | 6819 | 7318 | |
| 227 | 895 | 1507 | 2057 | 2592 | 3099 | 6321 | 6820 | 7319 | |
| 228 | 896 | 1508 | 2058 | 2593 | 3100 | 6322 | 6821 | 7320 | |
| 229 | 897 | 1510 | 2059 | 2594 | 3101 | 6323 | 6822 | 7321 | |
| 230 | 898 | 1513 | 2060 | 2595 | 3102 | 6324 | 6823 | 7322 | |
| 231 | 899 | 1515 | 2061 | 2596 | 3103 | 6325 | 6824 | 7323 | |
| 232 | 900 | 1519 | 2062 | 2597 | 3104 | 6326 | 6825 | 7324 | |
| 233 | 901 | 1521 | 2063 | 2598 | 3105 | 6327 | 6826 | 7325 | |
| 234 | 902 | 1523 | 2064 | 2599 | 3106 | 6328 | 6827 | 7326 | |
| 235 | 903 | 1524 | 2066 | 2600 | 3107 | 6329 | 6828 | 7327 | |
| 236 | 904 | 1527 | 2069 | 2601 | 3108 | 6330 | 6829 | 7328 | |
| 237 | 905 | 1529 | 2070 | 2602 | 3109 | 6331 | 6830 | 7329 | |
| 238 | 906 | 1531 | 2071 | 2603 | 3110 | 6332 | 6831 | 7330 | |
| 239 | 907 | 1539 | 2072 | 2604 | 3111 | 6333 | 6832 | 7331 | |
| 240 | 908 | 1540 | 2074 | 2605 | 3112 | 6334 | 6833 | 7332 | |
| 241 | 909 | 1541 | 2075 | 2606 | 3113 | 6335 | 6834 | 7333 | |
| 242 | 910 | 1542 | 2076 | 2607 | 3114 | 6336 | 6835 | 7334 | |
| 243 | 911 | 1543 | 2079 | 2608 | 3115 | 6337 | 6836 | 7335 | |
| 244 | 912 | 1544 | 2080 | 2610 | 3116 | 6338 | 6837 | 7336 | |
| 245 | 913 | 1545 | 2081 | 2611 | 3117 | 6339 | 6838 | 7337 | |
| 246 | 914 | 1546 | 2082 | 2612 | 3118 | 6340 | 6839 | 7338 | |
| 247 | 915 | 1547 | 2084 | 2613 | 3119 | 6341 | 6840 | 7339 | |
| 248 | 916 | 1548 | 2085 | 2614 | 3120 | 6342 | 6841 | 7340 | |
| 249 | 917 | 1549 | 2086 | 2615 | 3121 | 6343 | 6842 | 7341 | |
| 250 | 918 | 1550 | 2087 | 2616 | 3122 | 6344 | 6843 | 7342 | |
| 251 | 919 | 1551 | 2088 | 2617 | 3123 | 6345 | 6844 | 7343 | |
| 252 | 920 | 1552 | 2089 | 2618 | 3124 | 6346 | 6845 | 7344 | |
| 253 | 921 | 1553 | 2090 | 2619 | 3125 | 6347 | 6846 | 7345 | |
| 254 | 922 | 1554 | 2091 | 2620 | 3126 | 6348 | 6847 | 7346 | |
| 255 | 923 | 1555 | 2092 | 2621 | 3127 | 6349 | 6848 | 7347 | |
| 256 | 924 | 1556 | 2093 | 2622 | 3128 | 6350 | 6849 | 7348 | |
| 257 | 925 | 1557 | 2094 | 2623 | 3129 | 6351 | 6850 | 7349 | |
| 258 | 926 | 1558 | 2095 | 2624 | 3130 | 6352 | 6851 | 7350 | |

【１３８１】

【表Ｄ１０－７】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 259 | 927 | 1559 | 2096 | 2625 | 3131 | 6353 | 6852 | 7351 | |
| 260 | 928 | 1560 | 2097 | 2626 | 3132 | 6354 | 6853 | 7352 | |
| 261 | 929 | 1561 | 2098 | 2627 | 3133 | 6355 | 6854 | 7353 | |
| 262 | 930 | 1563 | 2099 | 2628 | 3134 | 6356 | 6855 | 7354 | |
| 263 | 931 | 1564 | 2100 | 2629 | 3135 | 6357 | 6856 | 7355 | |
| 264 | 932 | 1565 | 2101 | 2630 | 3136 | 6358 | 6857 | 7356 | |
| 265 | 933 | 1566 | 2102 | 2631 | 3138 | 6359 | 6858 | 7357 | |
| 266 | 934 | 1567 | 2103 | 2632 | 3139 | 6360 | 6859 | 7358 | |
| 267 | 935 | 1568 | 2104 | 2633 | 3141 | 6361 | 6860 | 7359 | |
| 268 | 936 | 1570 | 2105 | 2634 | 3142 | 6362 | 6861 | 7360 | |
| 269 | 937 | 1571 | 2106 | 2635 | 3144 | 6363 | 6862 | 7361 | |
| 270 | 938 | 1572 | 2107 | 2636 | 3146 | 6364 | 6863 | 7362 | |
| 271 | 939 | 1573 | 2108 | 2637 | 3147 | 6365 | 6864 | 7363 | |
| 272 | 940 | 1574 | 2109 | 2638 | 3149 | 6366 | 6865 | 7364 | |
| 273 | 941 | 1575 | 2110 | 2639 | 3152 | 6367 | 6866 | 7365 | |
| 274 | 942 | 1576 | 2111 | 2640 | 3153 | 6368 | 6867 | 7366 | |
| 275 | 943 | 1577 | 2112 | 2641 | 3154 | 6369 | 6868 | 7367 | |
| 276 | 944 | 1578 | 2113 | 2642 | 3155 | 6370 | 6869 | 7368 | |
| 277 | 945 | 1579 | 2114 | 2643 | 3157 | 6371 | 6870 | 7369 | |
| 278 | 946 | 1580 | 2115 | 2644 | 3162 | 6372 | 6871 | 7370 | |
| 279 | 947 | 1581 | 2116 | 2645 | 3163 | 6373 | 6872 | 7371 | |
| 280 | 948 | 1582 | 2117 | 2646 | 3166 | 6374 | 6873 | 7372 | |
| 281 | 950 | 1583 | 2118 | 2647 | 3167 | 6375 | 6874 | 7373 | |
| 283 | 951 | 1584 | 2119 | 2648 | 3169 | 6376 | 6875 | 7374 | |
| 284 | 952 | 1585 | 2120 | 2649 | 3171 | 6377 | 6876 | 7375 | |
| 285 | 957 | 1587 | 2121 | 2650 | 3172 | 6378 | 6877 | 7376 | |
| 286 | 958 | 1588 | 2122 | 2651 | 3173 | 6379 | 6878 | 7377 | |
| 287 | 959 | 1590 | 2123 | 2652 | 3175 | 6380 | 6879 | 7378 | |
| 288 | 960 | 1592 | 2124 | 2653 | 3176 | 6381 | 6880 | 7379 | |
| 290 | 961 | 1593 | 2125 | 2654 | 3177 | 6382 | 6881 | 7380 | |
| 292 | 962 | 1594 | 2126 | 2655 | 3180 | 6383 | 6882 | 7381 | |
| 293 | 963 | 1595 | 2127 | 2656 | 3181 | 6384 | 6883 | 7382 | |
| 294 | 964 | 1596 | 2128 | 2657 | 3183 | 6385 | 6884 | 7383 | |
| 295 | 965 | 1597 | 2129 | 2658 | 3184 | 6386 | 6885 | 7384 | |
| 296 | 966 | 1598 | 2130 | 2659 | 3188 | 6387 | 6886 | 7385 | |
| 297 | 967 | 1599 | 2131 | 2660 | 3190 | 6388 | 6887 | 7386 | |
| 298 | 968 | 1600 | 2132 | 2661 | 3194 | 6389 | 6888 | 7387 | |
| 299 | 969 | 1604 | 2133 | 2662 | 3196 | 6390 | 6889 | 7388 | |
| 300 | 970 | 1605 | 2134 | 2663 | 3198 | 6391 | 6890 | 7389 | |
| 301 | 971 | 1606 | 2135 | 2664 | 3199 | 6392 | 6891 | 7390 | |
| 302 | 972 | 1607 | 2136 | 2665 | 3201 | 6393 | 6892 | 7391 | |

【１３８２】

【表Ｄ１０－８】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 303 | 973 | 1608 | 2137 | 2666 | 3202 | 6394 | 6893 | 7392 | |
| 304 | 974 | 1610 | 2138 | 2667 | 3203 | 6395 | 6894 | 7393 | |
| 305 | 975 | 1611 | 2139 | 2668 | 3204 | 6396 | 6895 | 7394 | |
| 306 | 976 | 1612 | 2140 | 2669 | 3205 | 6397 | 6896 | 7395 | |
| 307 | 977 | 1616 | 2141 | 2670 | 3206 | 6398 | 6897 | 7396 | |
| 308 | 978 | 1617 | 2142 | 2671 | 3207 | 6399 | 6898 | 7397 | |
| 309 | 979 | 1618 | 2143 | 2672 | 3208 | 6400 | 6899 | 7398 | |
| 310 | 980 | 1619 | 2144 | 2673 | 3209 | 6401 | 6900 | 7399 | |
| 311 | 981 | 1620 | 2145 | 2674 | 3211 | 6402 | 6901 | 7400 | |
| 312 | 982 | 1621 | 2146 | 2675 | 3213 | 6403 | 6902 | 7401 | |
| 313 | 983 | 1622 | 2147 | 2676 | 3214 | 6404 | 6903 | 7402 | |
| 314 | 984 | 1623 | 2148 | 2677 | 3218 | 6405 | 6904 | 7403 | |
| 315 | 985 | 1624 | 2149 | 2678 | 3219 | 6406 | 6905 | 7404 | |
| 316 | 986 | 1625 | 2150 | 2679 | 3220 | 6407 | 6906 | 7405 | |
| 317 | 987 | 1626 | 2151 | 2680 | 3223 | 6408 | 6907 | 7406 | |
| 318 | 988 | 1627 | 2152 | 2681 | 3225 | 6409 | 6908 | 7407 | |
| 319 | 989 | 1628 | 2153 | 2682 | 3228 | 6410 | 6909 | 7408 | |
| 320 | 990 | 1629 | 2154 | 2683 | 3231 | 6411 | 6910 | 7409 | |
| 321 | 991 | 1630 | 2155 | 2684 | 3233 | 6412 | 6911 | 7410 | |
| 322 | 992 | 1631 | 2156 | 2685 | 3234 | 6413 | 6912 | 7411 | |
| 323 | 993 | 1632 | 2157 | 2686 | 3235 | 6414 | 6913 | 7412 | |
| 324 | 994 | 1633 | 2158 | 2687 | 3240 | 6415 | 6914 | 7413 | |
| 325 | 995 | 1634 | 2159 | 2688 | 3247 | 6416 | 6915 | 7414 | |
| 326 | 996 | 1635 | 2160 | 2689 | 3248 | 6417 | 6916 | 7415 | |
| 327 | 997 | 1636 | 2161 | 2690 | 3251 | 6418 | 6917 | 7416 | |
| 328 | 998 | 1637 | 2162 | 2691 | 3252 | 6419 | 6918 | 7417 | |
| 329 | 999 | 1638 | 2163 | 2692 | 3253 | 6420 | 6919 | 7418 | |
| 330 | 1000 | 1639 | 2164 | 2693 | 3254 | 6421 | 6920 | 7419 | |
| 331 | 1001 | 1640 | 2165 | 2694 | 3256 | 6422 | 6921 | 7420 | |
| 332 | 1002 | 1641 | 2166 | 2695 | 3259 | 6423 | 6922 | 7421 | |
| 333 | 1003 | 1642 | 2167 | 2696 | 3260 | 6424 | 6923 | 7422 | |
| 334 | 1004 | 1644 | 2168 | 2697 | 3261 | 6425 | 6924 | 7423 | |
| 335 | 1005 | 1645 | 2169 | 2698 | 3262 | 6426 | 6925 | 7424 | |
| 336 | 1006 | 1646 | 2170 | 2699 | 3263 | 6427 | 6926 | 7425 | |
| 337 | 1007 | 1647 | 2171 | 2700 | 3264 | 6428 | 6927 | 7426 | |
| 338 | 1008 | 1648 | 2172 | 2701 | 3265 | 6429 | 6928 | 7427 | |
| 339 | 1009 | 1649 | 2173 | 2702 | 3266 | 6430 | 6929 | 7428 | |
| 340 | 1010 | 1651 | 2174 | 2703 | 3268 | 6431 | 6930 | 7429 | |
| 341 | 1011 | 1652 | 2175 | 2704 | 3269 | 6432 | 6931 | 7430 | |
| 342 | 1012 | 1653 | 2176 | 2706 | 3270 | 6433 | 6932 | 7431 | |
| 343 | 1013 | 1654 | 2177 | 2708 | 3272 | 6434 | 6933 | 7432 | |

【１３８３】

【表Ｄ１０－９】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 344 | 1014 | 1655 | 2178 | 2709 | 3276 | 6435 | 6934 | 7433 | |
| 345 | 1015 | 1656 | 2179 | 2710 | 3277 | 6436 | 6935 | 7434 | |
| 346 | 1016 | 1657 | 2180 | 2711 | 3279 | 6437 | 6936 | 7435 | |
| 347 | 1017 | 1658 | 2181 | 2712 | 3282 | 6438 | 6937 | 7436 | |
| 348 | 1018 | 1659 | 2182 | 2713 | 3283 | 6439 | 6938 | 7437 | |
| 349 | 1019 | 1660 | 2183 | 2714 | 3286 | 6440 | 6939 | 7438 | |
| 350 | 1020 | 1661 | 2184 | 2715 | 3294 | 6441 | 6940 | 7439 | |
| 351 | 1021 | 1662 | 2185 | 2716 | 3296 | 6442 | 6941 | 7440 | |
| 352 | 1022 | 1663 | 2186 | 2717 | 3298 | 6443 | 6942 | 7441 | |
| 353 | 1023 | 1664 | 2187 | 2718 | 3299 | 6444 | 6943 | 7442 | |
| 354 | 1024 | 1665 | 2188 | 2719 | 3300 | 6445 | 6944 | 7443 | |
| 355 | 1025 | 1666 | 2189 | 2720 | 3302 | 6446 | 6945 | 7444 | |
| 356 | 1026 | 1667 | 2190 | 2721 | 3303 | 6447 | 6946 | 7445 | |
| 357 | 1027 | 1668 | 2191 | 2722 | 3305 | 6448 | 6947 | 7446 | |
| 358 | 1028 | 1669 | 2192 | 2723 | 3306 | 6449 | 6948 | 7447 | |
| 359 | 1029 | 1670 | 2193 | 2724 | 3310 | 6450 | 6949 | 7448 | |
| 360 | 1030 | 1671 | 2194 | 2725 | 3313 | 6451 | 6950 | 7449 | |
| 361 | 1031 | 1672 | 2195 | 2726 | 3315 | 6452 | 6951 | 7450 | |
| 362 | 1032 | 1673 | 2196 | 2727 | 3316 | 6453 | 6952 | 7451 | |
| 363 | 1033 | 1674 | 2197 | 2728 | 3317 | 6454 | 6953 | 7452 | |
| 364 | 1034 | 1675 | 2198 | 2729 | 3318 | 6455 | 6954 | 7453 | |
| 365 | 1035 | 1676 | 2199 | 2730 | 3323 | 6456 | 6955 | 7454 | |
| 366 | 1036 | 1677 | 2200 | 2731 | 3326 | 6457 | 6956 | 7455 | |
| 367 | 1037 | 1678 | 2201 | 2732 | 3329 | 6458 | 6957 | 7456 | |
| 368 | 1038 | 1679 | 2202 | 2733 | 4501 | 6459 | 6958 | 7457 | |
| 369 | 1039 | 1680 | 2203 | 2734 | 4502 | 6460 | 6959 | 7458 | |
| 370 | 1040 | 1681 | 2204 | 2735 | 4503 | 6461 | 6960 | 7459 | |
| 371 | 1041 | 1682 | 2205 | 2736 | 4504 | 6462 | 6961 | 7460 | |
| 372 | 1042 | 1683 | 2206 | 2737 | 4505 | 6463 | 6962 | 7461 | |
| 373 | 1043 | 1684 | 2207 | 2738 | 4506 | 6464 | 6963 | 7462 | |
| 374 | 1044 | 1685 | 2208 | 2739 | 4507 | 6465 | 6964 | 7463 | |
| 375 | 1045 | 1686 | 2209 | 2740 | 4508 | 6466 | 6965 | 7464 | |
| 376 | 1046 | 1687 | 2210 | 2741 | 4509 | 6467 | 6966 | 7465 | |
| 377 | 1047 | 1688 | 2211 | 2742 | 4510 | 6468 | 6967 | 7466 | |
| 378 | 1048 | 1689 | 2212 | 2743 | 4511 | 6469 | 6968 | 7467 | |
| 379 | 1049 | 1690 | 2213 | 2744 | 4512 | 6470 | 6969 | 7468 | |
| 380 | 1050 | 1691 | 2214 | 2745 | 4513 | 6471 | 6970 | 7469 | |
| 381 | 1051 | 1692 | 2215 | 2746 | 4514 | 6472 | 6971 | 7470 | |
| 382 | 1052 | 1693 | 2218 | 2747 | 4515 | 6473 | 6972 | 7471 | |
| 383 | 1053 | 1694 | 2219 | 2748 | 4516 | 6474 | 6973 | 7472 | |
| 384 | 1054 | 1695 | 2220 | 2749 | 4517 | 6475 | 6974 | 7473 | |

【１３８４】

【表Ｄ１０－１０】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 385 | 1055 | 1696 | 2222 | 2750 | 4518 | 6476 | 6975 | 7474 | |
| 386 | 1056 | 1697 | 2223 | 2751 | 4519 | 6477 | 6976 | 7475 | |
| 387 | 1057 | 1698 | 2224 | 2752 | 4520 | 6478 | 6977 | 7476 | |
| 388 | 1058 | 1699 | 2225 | 2753 | 4521 | 6479 | 6978 | 7477 | |
| 389 | 1059 | 1700 | 2226 | 2754 | 4522 | 6480 | 6979 | 7478 | |
| 390 | 1060 | 1701 | 2227 | 2755 | 4523 | 6481 | 6980 | 7479 | |
| 391 | 1061 | 1702 | 2228 | 2756 | 4524 | 6482 | 6981 | 7480 | |
| 392 | 1062 | 1703 | 2229 | 2757 | 4525 | 6483 | 6982 | 7481 | |
| 393 | 1063 | 1704 | 2230 | 2758 | 4526 | 6484 | 6983 | 7482 | |
| 394 | 1064 | 1705 | 2231 | 2759 | 4527 | 6485 | 6984 | 7483 | |
| 395 | 1065 | 1706 | 2232 | 2760 | 4528 | 6486 | 6985 | 7484 | |
| 396 | 1066 | 1707 | 2233 | 2761 | 4529 | 6487 | 6986 | 7485 | |
| 397 | 1067 | 1708 | 2234 | 2762 | 4530 | 6488 | 6987 | 7486 | |
| 398 | 1068 | 1709 | 2235 | 2763 | 4531 | 6489 | 6988 | 7487 | |
| 399 | 1069 | 1710 | 2236 | 2764 | 4532 | 6490 | 6989 | 7488 | |
| 400 | 1070 | 1711 | 2237 | 2765 | 4533 | 6491 | 6990 | 7489 | |
| 401 | 1071 | 1712 | 2238 | 2766 | 4534 | 6492 | 6991 | 7490 | |
| 402 | 1072 | 1713 | 2239 | 2767 | 4535 | 6493 | 6992 | 7491 | |
| 403 | 1073 | 1714 | 2240 | 2768 | 4536 | 6494 | 6993 | 7492 | |
| 404 | 1074 | 1715 | 2241 | 2769 | 4537 | 6495 | 6994 | 7493 | |
| 405 | 1075 | 1716 | 2242 | 2770 | 4538 | 6496 | 6995 | 7494 | |
| 406 | 1076 | 1717 | 2243 | 2771 | 4539 | 6497 | 6996 | 7495 | |
| 407 | 1077 | 1718 | 2244 | 2772 | 4540 | 6498 | 6997 | 7496 | |
| 408 | 1078 | 1719 | 2245 | 2773 | 4541 | 6499 | 6998 | 7497 | |
| 409 | 1079 | 1720 | 2246 | 2774 | 6001 | 6500 | 6999 | 7498 | |
| 410 | 1080 | 1721 | 2247 | 2775 | 6002 | 6501 | 7000 | 7499 | |
| 413 | 1081 | 1722 | 2248 | 2776 | 6003 | 6502 | 7001 | 7500 | |
| 415 | 1082 | 1723 | 2249 | 2777 | 6004 | 6503 | 7002 | 7501 | |
| 416 | 1083 | 1724 | 2250 | 2778 | 6005 | 6504 | 7003 | 7502 | |
| 419 | 1084 | 1725 | 2251 | 2779 | 6006 | 6505 | 7004 | 7503 | |
| 420 | 1085 | 1726 | 2252 | 2780 | 6007 | 6506 | 7005 | 7504 | |
| 421 | 1086 | 1727 | 2253 | 2781 | 6008 | 6507 | 7006 | 7505 | |
| 423 | 1087 | 1728 | 2254 | 2782 | 6009 | 6508 | 7007 | 7506 | |
| 424 | 1088 | 1729 | 2255 | 2783 | 6010 | 6509 | 7008 | 7507 | |
| 426 | 1089 | 1730 | 2256 | 2784 | 6011 | 6510 | 7009 | 7508 | |
| 427 | 1090 | 1731 | 2257 | 2785 | 6012 | 6511 | 7010 | 7509 | |
| 428 | 1091 | 1733 | 2259 | 2786 | 6013 | 6512 | 7011 | 7510 | |
| 429 | 1092 | 1734 | 2260 | 2787 | 6014 | 6513 | 7012 | 7511 | |
| 432 | 1093 | 1735 | 2261 | 2788 | 6015 | 6514 | 7013 | 7512 | |
| 433 | 1094 | 1736 | 2262 | 2789 | 6016 | 6515 | 7014 | 7513 | |
| 437 | 1095 | 1737 | 2263 | 2790 | 6017 | 6516 | 7015 | 7514 | |

【１３８５】

【表Ｄ１０－１１】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 438 | 1096 | 1738 | 2264 | 2791 | 6018 | 6517 | 7016 | 7515 | |
| 441 | 1097 | 1739 | 2265 | 2792 | 6019 | 6518 | 7017 | 7516 | |
| 443 | 1103 | 1740 | 2266 | 2793 | 6020 | 6519 | 7018 | 7517 | |
| 446 | 1110 | 1741 | 2268 | 2794 | 6021 | 6520 | 7019 | 7518 | |
| 449 | 1115 | 1742 | 2270 | 2795 | 6022 | 6521 | 7020 | 7519 | |
| 450 | 1116 | 1743 | 2271 | 2796 | 6023 | 6522 | 7021 | 7520 | |
| 452 | 1117 | 1744 | 2272 | 2797 | 6024 | 6523 | 7022 | 7521 | |
| 460 | 1118 | 1745 | 2273 | 2798 | 6025 | 6524 | 7023 | 7522 | |
| 461 | 1119 | 1746 | 2274 | 2799 | 6026 | 6525 | 7024 | 7523 | |
| 462 | 1120 | 1747 | 2275 | 2800 | 6027 | 6526 | 7025 | 7524 | |
| 464 | 1121 | 1748 | 2276 | 2801 | 6028 | 6527 | 7026 | 7525 | |
| 465 | 1122 | 1750 | 2277 | 2802 | 6029 | 6528 | 7027 | 7526 | |
| 469 | 1123 | 1751 | 2278 | 2803 | 6030 | 6529 | 7028 | 7527 | |
| 470 | 1124 | 1752 | 2279 | 2804 | 6031 | 6530 | 7029 | 7528 | |
| 472 | 1126 | 1753 | 2280 | 2805 | 6032 | 6531 | 7030 | 7529 | |
| 474 | 1127 | 1754 | 2281 | 2806 | 6033 | 6532 | 7031 | 7530 | |
| 475 | 1129 | 1755 | 2282 | 2807 | 6034 | 6533 | 7032 | 7531 | |
| 476 | 1131 | 1756 | 2283 | 2808 | 6035 | 6534 | 7033 | 7532 | |
| 480 | 1134 | 1757 | 2286 | 2809 | 6036 | 6535 | 7034 | 7533 | |
| 481 | 1136 | 1758 | 2287 | 2810 | 6037 | 6536 | 7035 | 7534 | |
| 483 | 1137 | 1759 | 2288 | 2811 | 6038 | 6537 | 7036 | 7535 | |
| 484 | 1138 | 1760 | 2289 | 2812 | 6039 | 6538 | 7037 | 7536 | |
| 486 | 1139 | 1761 | 2291 | 2813 | 6040 | 6539 | 7038 | 7537 | |
| 488 | 1140 | 1762 | 2292 | 2814 | 6041 | 6540 | 7039 | 7538 | |
| 489 | 1141 | 1764 | 2293 | 2815 | 6042 | 6541 | 7040 | 7539 | |
| 495 | 1142 | 1765 | 2294 | 2816 | 6043 | 6542 | 7041 | 7540 | |
| 498 | 1143 | 1766 | 2295 | 2817 | 6044 | 6543 | 7042 | 7541 | |
| 499 | 1144 | 1767 | 2299 | 2818 | 6045 | 6544 | 7043 | 7542 | |
| 502 | 1145 | 1768 | 2300 | 2819 | 6046 | 6545 | 7044 | 7543 | |
| 503 | 1146 | 1769 | 2301 | 2820 | 6047 | 6546 | 7045 | 7544 | |
| 504 | 1147 | 1770 | 2302 | 2821 | 6048 | 6547 | 7046 | 7545 | |
| 510 | 1148 | 1771 | 2303 | 2822 | 6049 | 6548 | 7047 | 7546 | |
| 517 | 1149 | 1772 | 2304 | 2823 | 6050 | 6549 | 7048 | 7547 | |
| 519 | 1150 | 1773 | 2305 | 2824 | 6051 | 6550 | 7049 | 7548 | |
| 522 | 1151 | 1774 | 2306 | 2825 | 6052 | 6551 | 7050 | 7549 | |
| 523 | 1152 | 1775 | 2307 | 2826 | 6053 | 6552 | 7051 | 7550 | |
| 524 | 1153 | 1776 | 2308 | 2827 | 6054 | 6553 | 7052 | 7551 | |
| 527 | 1154 | 1777 | 2309 | 2828 | 6055 | 6554 | 7053 | 7552 | |
| 528 | 1155 | 1778 | 2310 | 2829 | 6056 | 6555 | 7054 | 7553 | |
| 532 | 1156 | 1779 | 2311 | 2830 | 6057 | 6556 | 7055 | 7554 | |
| 534 | 1157 | 1780 | 2312 | 2831 | 6058 | 6557 | 7056 | 7555 | |

【１３８６】

【表Ｄ１０－１２】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 535 | 1158 | 1781 | 2313 | 2832 | 6059 | 6558 | 7057 | 7556 | |
| 536 | 1159 | 1782 | 2314 | 2833 | 6060 | 6559 | 7058 | 7557 | |
| 537 | 1160 | 1783 | 2315 | 2834 | 6061 | 6560 | 7059 | 7558 | |
| 538 | 1161 | 1784 | 2316 | 2835 | 6062 | 6561 | 7060 | 7559 | |
| 539 | 1162 | 1785 | 2317 | 2836 | 6063 | 6562 | 7061 | 7560 | |
| 540 | 1163 | 1786 | 2318 | 2837 | 6064 | 6563 | 7062 | 7561 | |
| 541 | 1164 | 1787 | 2319 | 2838 | 6065 | 6564 | 7063 | 7562 | |
| 542 | 1165 | 1788 | 2320 | 2839 | 6066 | 6565 | 7064 | 7563 | |
| 543 | 1166 | 1789 | 2321 | 2840 | 6067 | 6566 | 7065 | 7564 | |
| 544 | 1167 | 1790 | 2322 | 2841 | 6068 | 6567 | 7066 | 7565 | |
| 545 | 1168 | 1791 | 2323 | 2842 | 6069 | 6568 | 7067 | 7566 | |
| 546 | 1169 | 1792 | 2324 | 2843 | 6070 | 6569 | 7068 | 7567 | |
| 547 | 1170 | 1793 | 2325 | 2844 | 6071 | 6570 | 7069 | 7568 | |
| 548 | 1171 | 1794 | 2326 | 2845 | 6072 | 6571 | 7070 | 7569 | |
| 549 | 1172 | 1795 | 2327 | 2846 | 6073 | 6572 | 7071 | 7570 | |
| 550 | 1173 | 1796 | 2328 | 2847 | 6074 | 6573 | 7072 | 7571 | |
| 553 | 1174 | 1797 | 2329 | 2848 | 6075 | 6574 | 7073 | 7572 | |
| 554 | 1176 | 1799 | 2330 | 2849 | 6076 | 6575 | 7074 | 7573 | |
| 555 | 1177 | 1800 | 2331 | 2850 | 6077 | 6576 | 7075 | 7574 | |
| 556 | 1178 | 1801 | 2332 | 2851 | 6078 | 6577 | 7076 | 7575 | |
| 557 | 1179 | 1802 | 2333 | 2852 | 6079 | 6578 | 7077 | 7576 | |
| 558 | 1181 | 1803 | 2334 | 2853 | 6080 | 6579 | 7078 | 7577 | |
| 559 | 1182 | 1804 | 2335 | 2854 | 6081 | 6580 | 7079 | 7578 | |
| 560 | 1184 | 1805 | 2336 | 2855 | 6082 | 6581 | 7080 | 7579 | |
| 561 | 1185 | 1806 | 2337 | 2856 | 6083 | 6582 | 7081 | 7580 | |
| 562 | 1186 | 1808 | 2338 | 2857 | 6084 | 6583 | 7082 | 7581 | |
| 563 | 1187 | 1809 | 2339 | 2858 | 6085 | 6584 | 7083 | 7582 | |
| 564 | 1188 | 1810 | 2340 | 2859 | 6086 | 6585 | 7084 | 7583 | |
| 565 | 1190 | 1811 | 2341 | 2860 | 6087 | 6586 | 7085 | 7584 | |
| 566 | 1193 | 1812 | 2342 | 2861 | 6088 | 6587 | 7086 | 7585 | |
| 567 | 1195 | 1813 | 2343 | 2862 | 6089 | 6588 | 7087 | 7586 | |
| 568 | 1196 | 1815 | 2344 | 2863 | 6090 | 6589 | 7088 | 7587 | |
| 569 | 1197 | 1816 | 2345 | 2864 | 6091 | 6590 | 7089 | 7588 | |
| 570 | 1198 | 1817 | 2346 | 2865 | 6092 | 6591 | 7090 | 7589 | |
| 571 | 1199 | 1818 | 2347 | 2866 | 6093 | 6592 | 7091 | 7590 | |
| 572 | 1200 | 1819 | 2348 | 2867 | 6094 | 6593 | 7092 | 7591 | |
| 575 | 1201 | 1823 | 2349 | 2868 | 6095 | 6594 | 7093 | 7592 | |
| 580 | 1202 | 1824 | 2350 | 2869 | 6096 | 6595 | 7094 | 7593 | |
| 581 | 1203 | 1825 | 2351 | 2870 | 6097 | 6596 | 7095 | 7594 | |
| 583 | 1204 | 1827 | 2352 | 2871 | 6098 | 6597 | 7096 | 7595 | |
| 584 | 1205 | 1828 | 2353 | 2872 | 6099 | 6598 | 7097 | 7596 | |

【１３８７】

【表Ｄ１０－１３】

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 585 | 1206 | 1829 | 2354 | 2873 | 6100 | 6599 | 7098 | 7597 | |
| 586 | 1207 | 1831 | 2355 | 2874 | 6101 | 6600 | 7099 | 7598 | |
| 587 | 1208 | 1832 | 2356 | 2875 | 6102 | 6601 | 7100 | 7599 | |
| 588 | 1209 | 1834 | 2357 | 2876 | 6103 | 6602 | 7101 | 7600 | |
| 589 | 1210 | 1835 | 2358 | 2877 | 6104 | 6603 | 7102 | 7601 | |
| 590 | 1211 | 1838 | 2359 | 2878 | 6105 | 6604 | 7103 | 7602 | |
| 591 | 1212 | 1840 | 2360 | 2879 | 6106 | 6605 | 7104 | 7603 | |
| 592 | 1213 | 1842 | 2361 | 2880 | 6107 | 6606 | 7105 | 7604 | |
| 593 | 1214 | 1843 | 2362 | 2881 | 6108 | 6607 | 7106 | 7605 | |
| 594 | 1215 | 1844 | 2363 | 2882 | 6109 | 6608 | 7107 | 7606 | |
| 595 | 1216 | 1845 | 2364 | 2883 | 6110 | 6609 | 7108 | 7607 | |

【１３８８】

この実施例における結果が実証するように、表１０に示されるものから選択されるリンカー及びスクリーニングされる３５のＲＴファミリーのうち、１７のレトロウイルスＲＴファミリーからのＲＴを組み合わせた遺伝子組換えポリペプチドが、ＤＮＡとして試験細

胞に送達されるとき、遺伝子編集活性を有する。

【１３８９】

実施例４：プールスクリーンにおける編集活性に対するＲＴドメイン突然変異の影響の評価

実施例３からのライブラリーを用いたプールスクリーンデータを、候補遺伝子組換えポリペプチド編集活性に対する、ＲＴファミリー内の及びＲＴファミリーにわたる突然変異の影響を評価するために、更に分析した。ＲＴファミリーは、ＲＴドメインの野生型配列と比べて、マウス白血病ウイルス逆転写酵素の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３に対応する位置に１つ又は複数の置換を含むＲＴドメインを含んでいた。特定の理論に束縛されることは意図しないが、これらの位置の１つ又は複数に対応する位置における置換が、ＲＴドメイン及び／又はそれを含む遺伝子組換えポリペプチドの安定性（例えば、熱安定性）及び／又は編集活性を改善し得ると考えられる。試験される突然変異の特定の組合せは、表２に列挙されるものを含んでいた。

【１３９０】

図８Ａ～８Ｆ、９Ａ～９Ｈ、及び１０Ａ～１０Ｃは、ＲＴ変異体（Ｘ軸）及びＲＴファミリー（各ボックス）によって分類される候補遺伝子組換えポリペプチドについての平均Ｚスコアのグラフを示す。

【１３９１】

図８Ａ～８Ｆは、いくつかのＲＴファミリー（ＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、及びＧＡＬＶ）について、突然変異を有さないＲＴ変異体を含む遺伝子組換えポリペプチド候補が、陰性又はほぼ０の平均Ｚスコアを有する一方、特定の部位に１つ又は複数の突然変異を有するＲＴ変異体を含むものが、置換される位置の数と共に増加する陽性平均Ｚスコアを有することを示す。これらの結果は、編集活性を安定／増加させると見られる位置の１つ又は複数における突然変異が、これらのファミリーのＲＴドメインを補助して、活性な、又は置換を欠くＲＴを有する遺伝子候補と比べてより活性な候補遺伝子組換えポリペプチドをもたらすことを示す。

【１３９２】

図９Ａ～９Ｈは、いくつかのＲＴファミリー（ＫＯＲＶ、ＡＶＩＲＥ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６）について、突然変異を有さないＲＴ変異体を含む遺伝子組換えポリペプチド候補が、陽性平均Ｚスコアを有し、特定の部位に１つ又は複数の突然変異を有するＲＴ変異体を含むものが、置換される位置の数と共に増加するより高い平均Ｚスコアを有することを示す。これらの結果は、試験されるＲＴファミリーのうち、８つについて、編集活性を安定／増加させると見られる位置の１つ又は複数における突然変異が、これらのファミリーにおける既に活性なＲＴドメインの活性を更に改善して、より活性な候補遺伝子組換えポリペプチドをもたらすことを示す。

【１３９３】

図１０Ａ～１０Ｃは、実施例３において編集活性を示すいくつかのＲＴファミリー（ＰＥＲＶ、ＳＦＶ１、及びＦＦＶ）について、突然変異を有さないＲＴ変異体を含む遺伝子組換えポリペプチド候補が、特定の部位に１つ又は複数の突然変異を有するＲＴ変異体を含むものと同様の平均Ｚスコアを有し、又は置換される位置の数と共に減少するより低い平均Ｚスコアを有することを示す。これらの結果は、いくつかの編集活性ＲＴファミリーについて、編集活性を安定／増加させると見られる位置の１つ又は複数における突然変異が、編集活性に対する影響を全く若しくはほとんど有さないか、又は遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を低下させることから明らかなように、突然変異の影響が予測可能でないことを示す。

【１３９４】

これらの結果は、マウス白血病ウイルス逆転写酵素の２００、６０３、３３０、５２４、５６２、５８３、５１、６７、６７、１９７、２０４、３０２、３０９、３１３、４３

５、４５４、５９４、６７１、６９、又は６５３に対応する１つ又は複数の位置におけるＲＴドメイン突然変異が、特定のＲＴファミリーに由来する遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を増加させ得、他のＲＴファミリーではそうではないことを実証する。特に、ＲＴファミリーＭＬＶＡＶ、ＭＬＶＢＭ、ＢＡＥＶＭ、ＦＬＶ、ＦＯＡＭＶ、ＧＡＬＶ、ＫＯＲＶ、ＡＶＩＲＥ、ＭＬＶＣＢ、ＭＬＶＦＦ、ＭＬＶＭＳ、ＳＦＶ３Ｌ、ＷＭＳＶ、及びＸＭＲＶ６のＲＴドメインを含有する候補遺伝子組換えポリペプチドの編集活性は、列挙される位置における置換によって増加され、ＲＴ変異体における置換が多くなるほど、編集活性の増加が多くなる。置換が編集活性を改善した、実施例３において活性であると同定されたＲＴファミリーはほぼ全て、ガンマレトロウイルスに由来し、１つのガンマレトロウイルスＲＴファミリー（ＰＥＲＶ）が、置換からの編集活性に対する影響を示さなかった。置換が編集活性と負に相関した、実施例３において活性であると同定されたＲＴファミリーの両方は、スプマウイルス（Ｓｐｕｍａｖｉｒｕｓ）ＲＴであった。

【１３９５】

実施例５：プールスクリーンにおける編集活性に対する異なるリンカーの影響の評価

実施例３からのライブラリーを用いたプールスクリーンデータを、候補遺伝子組換えポリペプチド編集活性に対する、ＲＴファミリー内の及びＲＴファミリーにわたる異なるリンカーの影響を評価するために更に分析した。

【１３９６】

図１１は、選択されたリンカーのためのリンカー（Ｙ軸）によって分類される候補遺伝子組換えポリペプチドについての平均Ｚスコアのグラフを示し、線は、最も高い性能のリンカーからの平均及び標準誤差を示している。結果は、ＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡＬＥＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡ（配列番号１１，０４１）リンカーを含有する候補遺伝子組換えポリペプチドが、一貫して高い編集活性を示すことを示す。結果は、いくつかのリンカー、例えば、表Ａ２に列挙されるものが、試験されるいくつかの他のリンカーより高い編集活性を示すことを更に示唆する。

【１３９７】

【表Ａ２】

表A2: 例示的なリンカー

| アミノ酸配列 | 配列番号 |
|---|---|
| AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,041 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,042 |
| SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGS | 11,043 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,044 |
| EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,045 |
| GSSGSSGSSGSSGSSGSS | 11,046 |
| GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,047 |
| SGSETPGTSESATPES | 11,048 |
| PAPAPAPAPAPAP | 11,049 |
| EAAAKGGGGSEAAAK | 11,050 |

【１３９８】

実施例６：ＲＮＡ形態でいくつかのモデルシステムに送達される例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性の特性決定

図１２Ａ～１２Ｄは、異なる実験モデルシステムにおいてＲＮＡとして送達される４つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性のグラフを示し、各遺伝子組換えポリペプチドは、ＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡＬＥＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡ（配列番号１１，０４１）リンカーを含む。例示的な遺伝子組換えポリペプチドのアミノ酸配列は、以下の表に示される。

【１３９９】

【表Ａ３－１】

表A3: 例示的な遺伝子組換えポリペプチド

| 例示的な遺伝子組換えポリペプチド | 完全なAA配列 |
|---|---|
| 1 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV<br>DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE<br>ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL<br>LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF<br>DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP<br>KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE<br>DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG<br>DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD<br>MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR<br>QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI<br>GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG<br>FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY<br>LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE<br>VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKN |
| 2 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV<br>DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE<br>ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL<br>LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF<br>DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP<br>KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE<br>DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG<br>DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD<br>MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR<br>QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI<br>GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG<br>FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY<br>LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE<br>VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKAGGTLQLEEEYRLFEPESTQKQEMDIWLKN |

【１４００】

【表Ａ３－２】

| | |
|---|---|
| | FPQAWAETGGMGTAHCQAPVLIQLKATATPISIRQYPMPHEAYQGIKPHIRRMLDQGILKPCQSPWNTPLLPVKKPGTEDYRPVQDLREVNKRVEDIHPTVPNP |
| | YNLLSTLPPSHPWYTVLDLKDAFFCLRLHSESQLLFAFEWRDPEIGLSGQLTWTRLPQGFKNSPTLFNEALHSDLADFRVAYPALVLLQYVDDLLLAAATRTEC |
| | LEGTKALLETLGNKGYRASAKKAQICLQEVTYLGYSLKDGQRWLTKARKEAILSIPVPKNSRQVREFLGKAGYCRLFIPGFAELAAPLYPLTRPGTLFQWGTEQ |
| | QLAFEDIKKALLSSPALGLPDITKPFELFIDENSGFAKGVLVQKLGPWKRPVAYLSKKLDTVASGWPPCLRMVAAIAILVKDAGKLTLGQPLTILTSHPVEALV |
| | RQPPNKWLSNARMTHYQAMLLDAERVHPGPTVSLNPATLLPLPSGGNHHDCLQILAETHGTRPDLTDQPLPDADLTWYTDGSSFIRNGERAGAAVTTESEVIW |
| | AAPLPPGTSAQRAELIALTQALKMAEGKKLTVYTDSRYAFATTHVHGEIYRRRGWLTSEGKEIKNKNEILALLEALFLPKRLSIIHCPGHQKGDSPQAKGNRLA |
| | DDTAKKAATETHSSLTVLPAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE（配列番号 11,092） |
| 3 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEVKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKV |
| | DDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFE |
| | ENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAIL |
| | LSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF |
| | DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLP |
| | KHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENE |
| | DILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQG |
| | DSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRD |
| | MYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETR |
| | QITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEI |
| | GKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGG |
| | FDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLY |
| | LASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKE |
| | VLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGAEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAK

【表Ａ３－３】

| | |
|---|---|
| | AGILSSIFRGKYKTTLDLSNGFWAHSITPESYWLTAFTWLGQQYCWTRLPQGFLNSPALFNADVVDLLKEVPNVQVVVDDIYISHDDPREHLEQLEKVFSLLLN<br>AGVVVSLKKSEIAQHEVEFLGFNITKEGRGLTETFKQKLLNITPPRDLKQLQSILGKLNFARNFIPNFSELVKPLYNIIATAPGKYITWTTDNSQQLQNIISML<br>NSAENLEERNPEVRLIMKVNTSPSAGYIRFYNEFAKRPIMYLNVYVTKAEVKFTNTEKLLTTIHKGLIKALDLGMQQEILVYSPIVSMTKIQKTPLPERKALPI<br>RWITWMSYLEDPRIQFHYDKTLPELQQVPTVTDDIIAKIKHPSEFSMVFYTDGSAIKHPNVNKSHNAGMGIAQVVQFKPEFTVINTWSIPLGDHTAQLAEVAAVE<br>FACKKALKIDGPVLIVTDSFYVAEGVNKELPYWQSNGFFNNKKKPLKHVSKWKSIADCIQLKPDIIIIHEKGHQPTASTFHTEGNNLADKLATQGSYVVNAGKR<br>TADGSEFEKRTADGSEFESPKKKKAKVE（配列番号 11,094） |

【１４０２】

本明細書に記載されるように（図１２Ａ）、ＢＦＰランディングパッドを含むＵ２ＯＳ細胞（ＨＥＫ２９３Ｔ細胞について実施例１に記載される）を、ＢＦＰをＧＦＰに変換するように設計された鋳型ＲＮＡと共に例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡでヌクレオフェクトした。ＧＦＰ陽性細胞（問題なく編集された）及びＢＦＰ陽性細胞（非編集細胞）の相対量を、フローサイトメトリーによって決定し、それを用いて、この実験システムにおける遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を決定した。結果は、４つ全ての例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、高い編集活性を示したことを示した（約６０％～８５％超）。

【１４０３】

Ｕ２ＯＳ細胞を、ＨＥＫ３遺伝子座を編集するように設計された鋳型ＲＮＡ及び第２鎖標的化ｇＲＮＡと共に例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡでヌクレオフェクトした（図１２Ｂ）。編集を、標的遺伝子座に対して特異的なプライマーを用いたアンプリコン配列決定によって確認した。結果は、４つ全ての例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、ＨＥＫ３遺伝子座における編集活性を示したことを示した（約１％

～約５％）。
【１４０４】
初代マウス肝細胞を、第２鎖標的化ｇＲＮＡ及び野生型マウス初代肝細胞内の内因性Ｆａｈ遺伝子座においてＧヌクレオチドをＡヌクレオチドに変換するように設計された鋳型ＲＮＡと共に例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡでヌクレオフェクトした（図１２Ｃ）。Ｆａｈ遺伝子のエクソン８の最後のヌクレオチドにおける突然変異は、Ｆａｈタンパク質の生成なしで、異常なｍＲＮＡスプライシング及びその後のｍＲＮＡ分解をもたらし、従って遺伝性チロシン血症Ｉ型のマウスモデルとして用いられ；ＧからＡへの前記ヌクレオチドの編集は、マウスモデルの関連遺伝子座を標的とする遺伝子組換えシステムの能力を実証する。編集を、マウスＦａｈ標的遺伝子座に対して特異的なプライマーを用いたアンプリコン配列決定によって確認した。結果は、４つのうち、３つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、マウスＦａｈ遺伝子座における編集活性を示したことを示した（約６％～約９％）。
【１４０５】
例示的な遺伝子組換えポリペプチドの１つをコードするｍＲＮＡ及び鋳型ＲＮＡを含む遺伝子組換えシステムを、ＬＮＰ中で配合し、Ｆａｈ５９８１ＳＢマウスに送達した（図１２Ｄ）。鋳型ＲＮＡは、マウス肝臓中の内因性Ｆａｈ遺伝子座中のＦａｈ５９８１ＳＢマウスモデルにおいてＡヌクレオチドをＧヌクレオチドに変換するように設計された。Ｆａｈ５９８１ＳＢマウスモデルは、Ｆａｈ遺伝子のエクソン８の最後のヌクレオチドにおけるＧからＡへの点突然変異を有し、これは、Ｆａｈタンパク質の生成なしで、異常なｍＲＮＡスプライシング及びその後のｍＲＮＡ分解をもたらし、遺伝性チロシン血症Ｉ型のマウスモデルとして用いられる。具体的には、１：１（ｗ／ｗ）の鋳型ＲＮＡ及びｍＲＮＡで組み合わされた、ＬＮＰ中で配合された２ｍｇ／ｋｇの全ＲＮＡ当量を、７～９週齢の性別混合Ｆａｈ５９８１ＳＢマウスの静脈内に投与した。投与の６日後、動物を殺処分し、その肝臓を分析のために採取した。遺伝子編集活性を分析するために、標的挿入部位遺伝子座に隣接するプライマーを用いて、投与の６日後に採取された肝臓サンプルのゲノムＤＮＡ中の遺伝子座にわたって増幅した。アンプリコンを、Ｉｌｌｕｍｉｎａ ＭｉＳｅｑを用いたショートリード配列決定によって分析した。ＡヌクレオチドからＧヌクレオチドへの変換は、成功した編集を示す。結果は、４つのうち、３つの例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、マウス肝臓においてインビボで編集活性を示したことを示した（約１．２％～約６％）。
【１４０６】
総合すると、図１２Ａ～１２Ｄは、いくつかの例示的な遺伝子組換えポリペプチドのＲＮＡ送達が、異なる標的遺伝子座にわたって、異なる細胞型で、及び治療的に関連する遺伝子座においてインビボで有意な編集活性を達成し得ることを示す。更に、結果は、遺伝子組換えポリペプチドにおいて特に有効であると実施例５に示される、ＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡＬＥＡＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＥＡＡＡＫＡ（配列番号１１，０４１）リンカーを含む例示的な遺伝子組換えポリペプチドを用いて、異なる標的遺伝子座にわたって、異なる細胞型で、及び治療的に関連する遺伝子座においてインビボで有意な編集活性を達成し得ることを更に実証する。更に、結果は、ＳＳＦＶ、ＭＭＬＶ、ＡＶＩＲＥ又はＳＳＶ ＲＴファミリーからのＲＴドメインを含む例示的な遺伝子組換えポリペプチドが、異なる標的遺伝子座にわたって、異なる細胞型で、及び治療的に関連する遺伝子座においてインビボで編集活性を達成し得ることを更に実証する。
【１４０７】
実施例７：３９の高性能の例示的な遺伝子組換えポリペプチドの編集活性の特性決定
この実施例は、プールされたＲＴファミリー実験における性能に基づいて先の実施例において同定されたものから選択される３９の例示的な遺伝子組換えポリペプチドの選択の編集活性の特性決定を説明する。上述されるように、各遺伝子組換えポリペプチドは、逆転写酵素（ＲＴ）に連結されたＣａｓ９を含有する。具体的には、この実施例は、個々の遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を評価する手段としての、遺伝子組換えポリペプチ

ドをコードするＲＮＡが、逆転写され、ゲノムに組み込まれ、哺乳動物細胞内で安定的に発現されるような、レンチウイルス形質導入による哺乳動物細胞への遺伝子組換えポリペプチドの導入、続いて、インビトロ編集のための鋳型ガイドＲＮＡのトランスフェクションを説明する。

【１４０８】

この実施例では、例示的な遺伝子組換えポリペプチドは、Ｃａｓ９ドメインに融合されるリンカー及びＲＴドメインの以下の組合せを含んでいた。

【１４０９】

【表５８４】

| グラフID | リンカーアミノ酸配列 | 配列番号 | RT変異体名 |
|---|---|---|---|
| 10373 | PAPGGSGGG | 11,051 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 13642 | GSSEAAAKGGG | 11,052 | MLVAV_P03356_3mutA |

【１４１０】

【表５８５】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 12793 | EAAAKPAPGGS | 11,053 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 13522 | GSSGGGEAAAK | 11,054 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 16382 | PAPGSSEAAAK | 11,055 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 9438 | GGGEAAAKGGS | 11,056 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 16661 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,057 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 5077 | PAPAPAPAPAPAP | 11,058 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 14944 | GGGEAAAKPAP | 11,059 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 15953 | GSSPAPEAAAK | 11,060 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 5082 | PAPAPAPAPAPAP | 11,061 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 13233 | GGGGSSEAAAK | 11,062 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 5071 | PAPAPAPAPAPAP | 11,063 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 17380 | SGGSSGGSSGSETPGTSESATPESSGGSSGGSS | 11,064 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 12507 | GGSPAPEAAAK | 11,065 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 4213 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,066 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 12438 | GGSEAAAKPAP | 11,067 | WMSV_P03359_3mutA |
| 16591 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,068 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 3927 | EAAAKEAAAKEAAAKEAAAK | 11,069 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 16664 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKA | 11,070 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 12807 | EAAAKPAPGGS | 11,071 | MLVMS_P03355_3mutA_WS |
| 1576 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,072 | AVIRE_P03360_3mutA |
| 1646 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,073 | MLVMS_P03355_PLV919 |
| 14586 | GSSPAPGGG | 11,074 | XMRV6_A1Z651_3mutA |
| 14652 | PAPGGGGSS | 11,075 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 1353 | GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS | 11,076 | MLVCB_P08361_3mutA |
| 9370 | GGGEAAAKGGS | 11,077 | MLVMS_P03355_3mut |
| 6831 | EAAAKGGG | 11,078 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 12513 | GGSPAPEAAAK | 11,079 | MLVFF_P26809_3mutA |
| 15021 | GGGPAPEAAAK | 11,080 | BAEVM_P10272_3mutA |
| 8576 | GGGGSSGGS | 11,081 | WMSV_P03359_3mut |

【１４１１】

【表５８６】

| | | | |
|---|---|---|---|
| 16609 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAK EAAAKEAAAKEAAAKA | 11,082 | FLV_P10273_3mutA |
| 12691 | EAAAKGGSPAP | 11,083 | PERV_Q4VFZ2_3mut |
| 15894 | GSSPAPEAAAK | 11,084 | FLV_P10273_3mutA |
| 14924 | GGGEAAAKPAP | 11,085 | KORV_Q9TTC1-Pro_3mutA |
| 16704 | AEAAAKEAAAKEAAAKEAAAKALEAEAAAKE AAAKEAAAKEAAAKA | 11,086 | SFV1_P23074_2mutA |
| 4925 | PAPAPAPAPAP | 11,087 | MLVBM_Q7SVK7_3mut |
| 11771 | GSSGGSPAP | 11,088 | HTLV2_P03363 |
| 707 | GGSGGSGGSGGSGGS | 11,089 | WDSV_O92815 |

【１４１２】

例示的な遺伝子組換えポリペプチドを、ｍＲＮＡのトランスフェクションにより、ＢＦＰ発現ゲノムランディングパッドを担持するＨＥＫ２９３Ｔ細胞に導入した。遺伝子組換えポリペプチドの編集活性を決定するために、遺伝子組換えポリペプチドを含有するＢＦＰ発現細胞を、ＢＦＰからＧＦＰに変換するように設計された鋳型ＲＮＡでエレクトロポレートする。細胞を、エレクトロポレーションの３～４日後に、色変換型蛍光タンパク質の発現についてフローサイトメトリーを用いて分析した。

【１４１３】

図１３は、例示的な鋳型ＲＮＡと共に、ＤＮＡ（プラスミド）形態又はＲＮＡ（ｍＲＮＡ）形態でＨＥＫ２９３Ｔ細胞に送達されるときの、３９の例示的な遺伝子組換えポリペプチドについての編集活性のグラフを示す。結果は、遺伝子組換えポリペプチドが、ｍＲＮＡの形態で細胞に送達され、ＤＮＡの形態で細胞に送達される同じ遺伝子組換えポリペプチドと同等の編集活性を達成し得ることを示した。更に、これらの結果は、本明細書に記載される遺伝子組換えシステムが、（例えば、遺伝子組換えポリペプチドをコードするｍＲＮＡ及び鋳型ＲＮＡによって）全体的にＲＮＡ形態で送達され得ることを実証する。

【１４１４】

実施例８：ＨＥＫ２９３Ｔ及びＵ２ＯＳ細胞における個々の遺伝子組換えポリペプチドのアレイ化スクリーニング

この実施例は、ゲノムＤＮＡを編集することが可能ないくつかの種類の遺伝子組換えポリペプチドの同定及び特性決定を説明する。

【１４１５】

ＢＦＰを発現するＨＥＫ２９３Ｔ細胞又はＵ２ＯＳ細胞（先の実施例に記載される）を、３７３の遺伝子組換えポリペプチドの１つを発現するプラスミド及び例示的なｔｇＲＮＡ　ｇ４又は例示的なｔｇＲＮＡ　ｇ１０のいずれか（それぞれＢＦＰをＧＦＰに変換するように設計された）を発現するプラスミドで０日目にヌクレオフェクトし、次に、フローサイトメトリーを用いて、４日目のＢＦＰ及びＧＦＰ発現を分析した（図１５）。ＧＦＰシグナルを有する細胞は、成功した書き換え事象を生じたものと定義され、４日目にＧＦＰ＋であった細胞のパーセントを用いて、各遺伝子組換えポリペプチドの性能を決定した。

【１４１６】

ＰＬ１２１６２に対して正規化された、各遺伝子組換えポリペプチド及び条件についてＧＦＰに変換されたパーセントを、箱ひげ図においてグラフに示した（図１６）。結果は、試験される遺伝子組換えポリペプチドが編集活性を有することを確認する。結果は、いくつかの遺伝子組換えポリペプチドが、ベンチマーク遺伝子組換えポリペプチドより、試験される４つの条件にわたってより高い編集活性を示す（１を超える、正規化された変換されたパーセントを示す）ことを更に実証する。少なくとも１つの条件又は４つ全ての条件においてベンチマーク遺伝子組換えポリペプチドより高い編集活性を示す遺伝子組換えポリペプチドが、対照と共に、以下の表に列挙される。

【１４１７】
【表Ｄ１１－１】
表D11: 少なくとも1つの条件においてベンチマークより高い編集活性を示す遺伝子組換えポリペプチド

| 配列番号 | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 36 | 1384 | 2326 | 2644 | 2877 |
| 39 | 1390 | 2327 | 2647 | 2878 |
| 43 | 1401 | 2328 | 2648 | 2879 |
| 49 | 1404 | 2329 | 2653 | 2883 |
| 140 | 1405 | 2335 | 2677 | 2894 |
| 193 | 1406 | 2338 | 2688 | 2943 |
| 300 | 1618 | 2346 | 2692 | 2950 |
| 307 | 1672 | 2363 | 2711 | 3036 |
| 309 | 1857 | 2364 | 2712 | 3042 |
| 317 | 1861 | 2365 | 2713 | 3042 |
| 324 | 1864 | 2370 | 2734 | 3044 |
| 480 | 1865 | 2371 | 2776 | 3045 |
| 590 | 1870 | 2449 | 2780 | 3047 |
| 647 | 1883 | 2503 | 2781 | 3055 |
| 715 | 1943 | 2505 | 2782 | 3056 |
| 801 | 2087 | 2506 | 2784 | 3057 |
| 871 | 2089 | 2507 | 2788 | 3061 |
| 873 | 2091 | 2510 | 2790 | 3062 |
| 901 | 2097 | 2511 | 2793 | 3063 |
| 912 | 2099 | 2514 | 2794 | 3064 |
| 958 | 2101 | 2515 | 2795 | 3080 |
| 1006 | 2106 | 2518 | 2798 | 3081 |
| 1012 | 2115 | 2519 | 2803 | 3084 |
| 1017 | 2120 | 2525 | 2804 | 3086 |

【１４１８】
【表Ｄ１１－２】

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 1018 | 2300 | 2526 | 2809 | 3093 |
| 1038 | 2301 | 2527 | 2812 | 3094 |
| 1049 | 2303 | 2528 | 2817 | 7735 |
| 1171 | 2304 | 2534 | 2831 | |
| 1197 | 2305 | 2542 | 2839 | |
| 1198 | 2308 | 2610 | 2845 | |
| 1225 | 2309 | 2611 | 2849 | |
| 1371 | 2311 | 2614 | 2852 | |
| 1372 | 2314 | 2615 | 2855 | |
| 1373 | 2315 | 2619 | 2860 | |
| 1374 | 2316 | 2623 | 2863 | |
| 1376 | 2317 | 2624 | 2868 | |
| 1377 | 2319 | 2633 | 2869 | |
| 1380 | 2322 | 2636 | 2872 | |
| 1382 | 2325 | 2641 | 2874 | |

【１４１９】

【表Ｄ１２】

表D12: 全ての条件においてベンチマークより高い編集活性を示す遺伝子組換えポリペプチド

| 配列番号 |
|---|
| 1018 |
| 1038 |
| 2309 |
| 2315 |
| 2325 |
| 2338 |
| 2611 |
| 2868 |
| 3084 |
| 7735 |

【１４２０】

【表Ｄ１３－１】

表D13: 対照配列

| 正規化対照 | 陽性対照 | 陰性対照 |
|---|---|---|
| 2892 | 2181 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF |

【１４２１】

【表Ｄ１３－２】

| | | |
|---|---|---|
| | | DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGSGGSGGSGGSGGSCQTKNTLNIDEYLLQFPD<br>QLWASLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHDLR<br>AINNIVAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFSQALYQS<br>LHKIKFKISSEICIYMDDVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQF<br>QQPTTIRQIRAFLGLVGYCRHWIPEFSIHSKFLEKQLKKDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSH<br>SEHASIAVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQADSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSK<br>WEADLLRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSDGSYTTGRGGAAVVMH<br>RPVTDDFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLL<br>KQIMKPKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQRAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE (配列番号 15466) |
| | 3143 | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSEAAAKGGSCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWA<br>SLPTDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHDLRAINNI<br>VAPLTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIK<br>FKISSEICIYMDDVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPT<br>TIRQIRAFLGKVGYCRHFIPEFSIHSKFLEKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASI<br>AVLTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQADSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADL<br>LRPELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSDGSYTTGRGGAAVVMHRPVTD<br>DFIIIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQIMK<br>PKQVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQRAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE (配列番号 15467) |
| | | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL |

【１４２２】

【表Ｄ１３－３】

| | | |
|---|---|---|
| | | ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSPAPGGHLPPPPQVDQFPLNLPERLQALNDL<br>VSKALEAGHIEPYSGPGNNPVFPVKKPNGKWRFIHDLRATNAITTTLTSPSPGPPDLTSLPTALPHLQTIDLTDAFFQIPLPKQ<br>YQPYFAFTIPQPCNYGPGTRYAWTVLPQGFKNSPTLFEQQLAAVLNPMRKMFPTSTIVQYMDDILLASPTNEELQQLSQLT<br>LQALTTHGLPISQEKTQQTPGQIRFLGQVISPNHITYESTPTIPIKSQWTLTELQVILGEIQWVSKGTPILRKHLQSLYSALHGY<br>RDPRACITLTPQQLHALHAIQQALQHNCRGRLNPALPLLGLISLSTSGTTSVIFQPKQNWPLAWLHTPHPPTSLCPWGHLLA<br>CTILTLDKYTLQHYGQLCQSFHHNMSKQALCDFLRNSPHPSVGILIHHMGRFHNLGSQPSGPWKTLLHLPTLLQEPRLLRPI<br>FTLSPVVLDTAPCLFSDGSPQKAAYVLWDQTILQQDITPLPSHETHSAQKGELLALICGLRAAKPWPSLNIFLDSKYLIKYLHSL<br>AIGAFLGTSAHQTLQAALPPLLQGKTIYLHHVRSHTNLPDPISTFNEYTDSLILAPLVPLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPK<br>KKAKVE (配列番号 15468) |
| | | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGSSGGSPAPGGSCQTKNTLNIDEYLLQFPDQLWASLP<br>TDIGRMLVPPITIKIKDNASLPSIRQYPLPKDKTEGLRPLISSLENQGILIKCHSPCNTPIFPIKKAGRDEYRMIHDLRAINNIVAP<br>LTAVVASPTTVLSNLAPSLHWFTVIDLSNAFFSVPIHKDSQYLFAFTFEGHQYTWTVLPQGFIHSPTLFNQALYQSLHKIKFKI<br>SSEICIYMDDVLIASKDRDTNLKDTAVMLQHLASEGHKVSKKKLQLCQQEVVYLGQLLTPEGRKILPDRKVTVSQFQQPTTIR<br>QIRAFLGKVGYCRHFIPEFSIHSKFLEKQLKPDTAEPFQLDDQQVEAFNKLKHAITTAPVLVVPDPAKPFQLYTSHSEHASIAV<br>LTQKHAGRTRPIAFLSSKFDAIESGLPPCLKACASIHRSLTQADSFILGAPLIIYTTHAICTLLQRDRSQLVTASRFSKWEADLLR<br>PELTFVACSAVSPAHLYMQSCENNIPPHDCVLLTHTISRPRPDLSDLPIPDPDMTLFSDGSYTTGRGGAAVVMHRPVTDDFI<br>IIHQQPGGASAQTAELLALAAACHLATDKTVNIYTDSRYAYGVVHDFGHLWMHRGFVTSAGTPIKNHKEIEYLLKQIMKPK<br>QVSVIKIEAHTKGVSMEVRGNAAADEAAKNAVFLVQRAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPKKKAKVE (配列番号 15469) |
| | | MPAAKRVKLDGGDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRY<br>TRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLA<br>LAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGN<br>LIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRY<br>DEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNG<br>SIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFI<br>ERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECF<br>DSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGW<br>GRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVK<br>VVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDM<br>YVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKARGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA<br>ERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHD<br>AYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGE<br>IVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKG<br>KSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYL<br>ASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAA<br>FKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGDGGGGGPAPGSSGGHLPPPPQVDQFPLNLPERLQALNDL<br>VSKALEAGHIEPYSGPGNNPVFPVKKPNGKWRFIHDLRATNAITTTLTSPSPGPPDLTSLPTALPHLQTIDLTDAFFQIPLPKQ<br>YQPYFAFTIPQPCNYGPGTRYAWTVLPQGFKNSPTLFQQQLAAVLNPMRKMFPTSTIVQYMDDILLASPTNEELQQLSQLT<br>LQALTTHGLPISQEKTQQTPGQIRFLGQVISPNHITYESTPTIPIKSQWTLTELQVILGEIQWVSKGTPILRKHLQSLYSALHPY<br>RDPRACITLTPQQLHALHAIQQALQHNCRGRLNPALPLLGLISLSTSGTTSVIFQPKQNWPLAWLHTPHPPTSLCPWGHLLA<br>CTILTLDKYTLQHYGQLCQSFHHNMSKQALCDFLRNSPHPSVGILIHHMGRFHNLGSQPSGPWKTLLHLPTLLQEPRLLRPI<br>FTLSPVVLDTAPCLFSDGSPQKAAYVLWDQTILQQDITPLPSHETHSAQKGELLALICGLRAAKPWPSLNIFLDSKYLIKYLHSL |

【１４２３】

【表Ｄ１３－４】

| | | |
|---|---|---|
| | | AIGAFLGTSAHQTLQAALPPLLQGKTIYLHHVRSHTNLPDPISTFNEYTDSLILAPLVPLAGKRTADGSEFEKRTADGSEFESPK<br>KKAKVE (配列番号 15470) |

【１４２４】

ＲＴファミリー中の試験される各候補からのデータを分類し、先の実施例において試験されるプールされたＲＴファミリーについてのデータと比較して、プールされた実験において見られる傾向が、候補を個別に試験されたときに再現されたことを確認した（図１７）。結果は、個別に試験されたときの例示的な遺伝子組換えポリペプチドの性能が、プールされた実験において観察された傾向を反復したことを確認した。

【１４２５】

「約」、「少なくとも」、「未満」、及び「を超える」などの、本出願におけるいくつかのパラメータを表す全ての数値境界について、記載は、記載される値によって境界付けられるいずれの範囲も必然的に包含することが理解されるべきである。従って、例えば、「少なくとも１、２、３、４又は５」という記載は、とりわけ、１～２、１～３、１～４、１～５、２～３、２～４、２～５、３～４、３～５、及び４～５などの範囲も表す。

【１４２６】

本明細書に引用される全ての特許、出願又は非特許文献及び参照配列情報などの他の参照文献について、それらが、あらゆる目的のため及び記載される提示のため、全体が参照により組み込まれることが理解されるべきである。参照により組み込まれる文献と及び本出願との間に矛盾が存在する場合、本出願が優先される。本出願に開示される参照遺伝子配列に関連する全ての情報、例えば、例えば、ゲノム遺伝子座、ゲノム配列、機能注釈、対立遺伝子多型及び参照ｍＲＮＡ（例えば、エクソン境界又は応答エレメントを含む）及びタンパク質配列（保存的ドメイン構造など）並びに化学参照（例えば、ＰｕｂＣｈｅｍ化合物、ＰｕｂＣｈｅｍ物質又はＰｕｂＣｈｅｍ　Ｂｉｏａｓｓａｙエントリ（構造及びアッセイなどのその中の注釈を含む））を含む、ＧｅｎｅＩＤｓ又は受入番号（典型的に、ＮＣＢＩ受入番号を参照する）は、全体が参照により本明細書に組み込まれる。

【１４２７】

本出願において使用される見出しは、便宜上のものであるに過ぎず、本出願の解釈に影響を及ぼすものではない。

本発明は、例えば、以下の項目を提供する。

(項目１)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目２)

前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、項目１に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目３)

前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、項目１又は２に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目４)

前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、項目１～３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目５)

前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、項目１～４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目６)

前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して１００％の同一性を有する配列を有する、項目１～５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目７)

前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、項目１～６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目８)

前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、項目１～７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目９)
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、項目１～８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１０)
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して１００％の同一性を有する配列を有する、項目１～９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１１)
前記ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、項目１～１０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１２)
前記Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、項目１～１１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１３)
前記Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、項目１～１２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１４)
前記Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、項目１～１３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１５)
前記Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、項目１～１４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１６)
ＮＬＳを含み、例えば２つのＮＬＳを含む、項目１～１５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１７)
前記Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、項目１～１６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１８)
前記ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、項目１～１７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目１９)
前記Ｃａｓ９ドメインの Ｎ末端である第１のＮＬＳ及び前記ＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、項目１～１８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２０)
前記第１のＮＬＳ及び前記Ｃａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、項目１～１９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２１)
前記第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、項目１～２０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２２)
前記Ｃａｓドメインと前記リンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、項目１～２１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２３)

前記ＲＴドメインと前記第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、項目１～２２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２４)
前記リンカーと前記ＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、項目１～２３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２５)
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、項目１～２４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２６)
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、項目１～２５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２７)
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、項目１～２６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２８)
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９８％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、項目１～２７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目２９)
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、項目１～２８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目３０)
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して１００％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、項目１～２９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目３１)
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、項目１～３０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目３２)
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、
ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；
ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳ（配列番号５１５２）を有するリンカー；
ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び
ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列
を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又は９０％である活性を有する、項目１～３１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
(項目３３)
例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５

％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、項目１～３２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。

(項目３４)

項目１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。

(項目３５)

項目１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は項目３４に記載の核酸を含む細胞。

(項目３６)

システムであって、

ｉ）項目１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、並びに

ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、

ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；

ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；

ｃ）異種目的配列；及び

ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）

を含む鋳型ＲＮＡ

を含むシステム。

(項目３７)

細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、前記細胞を、項目３６に記載のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより前記標的核酸を修飾することを含む方法。

(項目３８)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、前記ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目３９)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４０)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ａ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４１)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４２)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４３)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％

、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４４)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４５)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４６)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ３の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ３の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４７)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ４の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ４の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４８)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ５の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目４９)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ６の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ６の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目５０)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ７の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ７の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目５１)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ８の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって

、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓドメインの Ｃ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ８の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目５２)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ９の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓドメインの Ｃ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ９の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目５３)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１０の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓドメインの Ｃ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１０の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目５４)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓドメインの Ｃ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目５５)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｄ１２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目５６)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目５７)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目５８)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン（例えば、本明細書に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び

前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、図１１に列挙される配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目５９)

遺伝子組換えポリペプチドであって、

ＣａｓドメインＣａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメ

イン）；
配列番号１～７７４３のいずれか１つに示されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含み、
前記ＲＴドメイン及び前記リンカーの前記アミノ酸配列は、配列番号１～７７４３のいずれか１つの同じアミノ酸配列に示され、
前記遺伝子組換えポリペプチドは、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、遺伝子組換えポリペプチド。
(項目６０)
項目３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。
(項目６１)
項目３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は項目６０に記載の核酸を含む細胞。
(項目６２)
システムであって、
ｉ）項目３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
(項目６３)
細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、前記細胞を、項目６２に記載のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより前記標的核酸を修飾することを含む方法。
(項目６４)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＡＶＩＲＥ　ＲＴの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記Ｃａｓニッカーゼドメインと前記ＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

(項目６５)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記Ｃａｓニッカーゼドメインと前記ＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目６６)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号８００１、８００２若しくは８００３の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；

Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号：配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのいずれかのリンカーのアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目６７)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，００３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０１に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目６８)
遺伝子組換えポリペプチドであって、

配列番号８，０２０の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０２に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目６９)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，０７４の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０３に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目７０)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，１１３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０４に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目７１)
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカーを含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
(項目７２)
項目６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子。
(項目７３)
項目６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドを含む細胞。
(項目７４)
項目７２に記載の核酸分子を含む細胞。
(項目７５)
システムであって、
ｉ）項目６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は項目７２に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓニッカーゼドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び

ｄ）プライマー結合部位配列
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
(項目７６)
項目６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、項目７２に記載の核酸又は項目７５に記載のシステムを含む脂質ナノ粒子製剤。
(項目７７)
細胞内の標的核酸分子を修飾する方法であって、前記細胞を、項目７５に記載のシステムと接触させ、それにより前記標的核酸分子を修飾することを含む方法。
(項目７８)
項目６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、又は項目７２に記載の核酸、又は項目７５に記載のシステムを使用して、標的プライム逆転写によって標的ゲノムを修飾する方法であって、前記標的ゲノムを、前記遺伝子組換えポリペプチド、核酸又はシステムと接触させ、それにより前記標的核酸分子を修飾することを含む方法。
【手続補正２】
【補正対象書類名】特許請求の範囲
【補正対象項目名】全文
【補正方法】変更
【補正の内容】
【特許請求の範囲】
【請求項１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、請求項１に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、請求項１又は２に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９８％の同一性を有する配列を有する、請求項１～３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して少なくとも９９％の同一性を有する配列を有する、請求項１～４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６】
前記ＲＴドメインは、表１の前記ＲＴドメインに対して１００％の同一性を有する配列を有する、請求項１～５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して

少なくとも９０％の同一性を有する配列を有する、請求項１～６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項８】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する、請求項１～７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項９】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して少なくとも９７％の同一性を有する配列を有する、請求項１～８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１０】
前記リンカーは、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの前記リンカー配列に対して１００％の同一性を有する配列を有する、請求項１～９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１１】
前記ＲＴドメインは、表２に列挙される突然変異を含む、請求項１～１０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１２】
前記Ｃａｓドメインは、表７若しくは８の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～１１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１３】
前記Ｃａｓドメインは、Ｃａｓニッカーゼドメインである、請求項１～１２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１４】
前記Ｃａｓドメインは、Ｃａｓ９ニッカーゼドメインである、請求項１～１３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１５】
前記Ｃａｓドメインは、Ｎ８６３Ａ突然変異を含む、請求項１～１４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１６】
ＮＬＳを含み、例えば２つのＮＬＳを含む、請求項１～１５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１７】
前記Ｃａｓ９ドメインのＮＬＳ　Ｎ末端を含む、請求項１～１６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１８】
前記ＲＴドメインのＮＬＳ　Ｃ末端を含む、請求項１～１７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項１９】
前記Ｃａｓ９ドメインの Ｎ末端である第１のＮＬＳ及び前記ＲＴドメインのＣ末端である第２のＮＬＳを含む、請求項１～１８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２０】
前記第１のＮＬＳ及び前記Ｃａｓドメインを含む配列番号４０００の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～１９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２１】
前記第２のＮＬＳを含む配列番号４００１の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％

、８０％、８５％、９０％、９５％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～２０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２２】
前記Ｃａｓドメインと前記リンカーとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、請求項１～２１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２３】
前記ＲＴドメインと前記第２のＮＬＳとの間のＡＧアミノ酸配列を含む、請求項１～２２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２４】
前記リンカーと前記ＲＴドメインとの間のＧＧアミノ酸配列を含む、請求項１～２３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２５】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに従うアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む、請求項１～２４のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２６】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９０％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２５のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２７】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９５％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２６のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２８】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９８％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２７のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項２９】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して少なくとも９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２８のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３０】
配列表中の配列番号１～３３３２のいずれかに対して１００％の同一性を有するアミノ酸配列を含む、請求項１～２９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３１】
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、請求項１～３０のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３２】
ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、Ｎ末端からＣ末端の方向に、
ａ）配列番号４０００のＮＬＳ及びＣａｓドメイン配列；
ｂ）配列ＥＡＡＡＫＧＳＳ（配列番号５１５２）を有するリンカー；
ｃ）ＰＥＲＶ＿Ｑ４ＶＦＺ２＿３ｍｕｔＡ＿ＷＳの配列を有するＲＴドメイン；及び
ｄ）配列番号４００１のＮＬＳ配列
を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性の少なくとも５０％、６０％、７０％、８０％又

は９０％である活性を有する、請求項１～３１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３３】
例えば、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例１のアッセイにおいて、配列番号４００２の配列を含む遺伝子組換えポリペプチドの活性より少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％高い活性を有する、請求項１～３２のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３４】
請求項１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。
【請求項３５】
請求項１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は請求項３４に記載の核酸を含む細胞。
【請求項３６】
システムであって、
ｉ）請求項１～３３のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【請求項３７】
細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、前記細胞を、請求項３６に記載のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより前記標的核酸を修飾することを含む方法。
【請求項３８】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、前記ＣａｓドメインのＣ末端である逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項３９】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、

前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有するリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４０】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ａ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ａ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４２】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４３】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；

表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４４】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４５】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４６】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ３の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ３の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４７】
遺伝子組換えポリペプチドであって、

Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ４の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ４の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４８】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ５の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ５の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項４９】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ６の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ６の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５０】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ７の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ７の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。

【請求項５１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ８の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ８の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５２】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ９の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ９の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５３】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１０の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１０の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５４】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含

むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５５】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｄ１２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｄ１２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５６】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ１の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ１の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５７】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
表Ｔ２の逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表Ｔ２の、前記ＲＴドメインと同じ行からの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５８】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン（例えば、本明細書に記載される）又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列であって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、ＡＶＩＲＥ逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又は配列；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、図１１

に列挙される配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項５９】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
Ｃａｓドメイン（例えば、Ｃａｓニッカーゼドメイン、例えばＣａｓ９ニッカーゼドメイン）；
配列番号１～７７４３のいずれか１つに示されるＲＴドメインのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるリンカーのアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー
を含み、
前記ＲＴドメイン及び前記リンカーの前記アミノ酸配列は、配列番号１～７７４３のいずれか１つの同じアミノ酸配列に示され、
前記遺伝子組換えポリペプチドは、ＨＥＫ細胞及びｇ４ガイドＲＮＡを用いた実施例２のアッセイにおける非ソート入力細胞と比べて、少なくとも１０％、２０％、３０％、４０％、５０％、６０％、７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、１００％、１２５％、１５０％、１７５％、２００％、２５０％、３００％、４００％、５００％、６００％、７００％、８００％、９００％、１０００％、１５００％、２０００％又は２５００％の変換されたＧＦＰ＋の増加を生じる、遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６０】
請求項３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸（例えば、ＤＮＡ又はＲＮＡ、例えばｍＲＮＡ）。
【請求項６１】
請求項３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は請求項６０に記載の核酸を含む細胞。
【請求項６２】
システムであって、
ｉ）請求項３８～５９のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列（ＰＢＳ配列）
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【請求項６３】
細胞（例えば、ヒト細胞）内の標的核酸を修飾する方法であって、前記細胞を、請求項６２に記載のシステム又はそれをコードする核酸と接触させ、それにより前記標的核酸を修飾することを含む方法。
【請求項６４】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
ＡＶＩＲＥ　ＲＴの逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末

端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
　前記Ｃａｓニッカーゼドメインと前記ＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、表１０に列挙されるアミノ酸配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９６％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有するアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６５】
　遺伝子組換えポリペプチドであって、
　逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
　Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記ＣａｓドメインのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
　前記Ｃａｓニッカーゼドメインと前記ＲＴドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカー又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を含むリンカー

を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６６】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
逆転写酵素（ＲＴ）ドメインであって、配列番号８００１、８００２若しくは８００３の配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの Ｃ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号：配列番号１、２、３、４、５、６、７、９、１０、１２、１３、１４、６０７６、６１４３、６２００、６２５４、６２７４、６３１５、６３２８、６３３７、６４０３、６４２０、６４４０、６５１３、６５５２、６６１３、６６７１、６８２２、６８４０、６８８４、６９０７、６９７０、７０２５、７０５２、７０７８、７２４３、７２５３、７３１８、７３７９、７４８６、７５２４、７６６８、７６８０、７７２０、１１３７、１１３８、１１３９、１１４０、１１４１、１１４２、１１４３、１１４４、１１４５、１１４６、１１４７、１１４８、１１４９、１１５０、１１５１、１１５２、１１５３、１１５４、１１５５、１１５６、１１５７、１１５８、１１５９、１１６０、１１６１、１１６２、１１６３、１１６４、１１６５、１１６６、１１６７、６０１５、６０２９、６０４５、６０７７、６１２９、６１４４、６１６４、６２０１、６２２７、６２４４、６２５０、６２６４、６２８９、６３０４、６３１６、６３８４、６４２１、６４４１、６４９２、６５１４、６５３０、６５６９、６５８４、６６２１、６６５１、６６５９、６６８３、６７０３、６７２７、６７３２、６７４５、６７５５、６７８４、６８１７、６８２３、６８４１、６８７１、６８８５、６８９８、６９０８、６９３３、６９７１、７００９、７０１８、７０４５、７０５３、７０６８、７０７９、７０９６、７１０４、７１２２、７１５１、７１６３、７１８１、７２４４、７２７３、７３１９、７３３６、７３８０、７４０２、７４６２、７４８７、７５２５、７５６９、７６２６、７６８９、７７０７、７７２１、１３７１、１３７２、１３７３、１３７４、１３７５、１３７６、１３７７、１３７８、１３７９、１３８０、１３８１、１３８２、１３８３、１３８４、１３８５、１３８６、１３８７、１３８８、１３８９、１３９０、１３９１、１３９２、１３９３、１３９４、１３９５、１３９６、１３９７、１３９８、１３９９、１４００、１４０１、１４０２、１４０３、１４０４、１４０５、１４０６、１４０７、１４０８、１４０９、１４１０、１４１１、１４１２、１４１３、１４１４、１４１５、１４１６、１４１７、１４１８、１４１９、１４２０、１４２１、１４２２、１４２３、１４２４、１４２５、１４２６、１４２７、１４２８、１４２９、１４３０、１４３１、１４３２、１４３３、１４３４、１４３５、１４３６、１４３７、１４３９、１４４０、１４４１、１４４２、１４４３、１４４４、１４４５、１４４６、１４４７、６００１、６０３０、６０７８、６１０８、６１３０、６１６５、６２６５、６２７５、６３０５、６３２９、６３７０、６３８５、６４０４、６５３１、６５８５、６６２２、６６５２、６７３３、６７５６、６７６５、６７９８、６８２４、６９７２、７０４６、７０５４、７０６９、７０８０、７１０５、７１２３、７１４３、７１５２、７２０４、７３２０、７３５１、７３８１、７４０３、７４３８、７４８８、７５００、７５２６、７５８８、７６１２、７６２７のいずれか１つの配列又はそれと少なくとも７０％、７５％、８０％、８５％、９０％、９５％、９７％、９８％若しくは９９％の同一性を有する配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのいずれかのリンカーのアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６７】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，００３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメ

インのＣ末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０１に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６８】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，０２０の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号５２１７又は１５，４０２に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項６９】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，０７４の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０３に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７０】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号８，１１３の配列又はそれと少なくとも９５％の同一性を有する配列を有する逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、配列番号１５，４０４に従うアミノ酸配列を含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７１】
遺伝子組換えポリペプチドであって、
配列番号１～７７４３のいずれか１つの配列を有する参照遺伝子組換えポリペプチドのＲＴドメインを含む逆転写酵素（ＲＴ）ドメイン；及び
Ｃａｓニッカーゼドメインであって、前記ＲＴドメインは、前記Ｃａｓニッカーゼドメインの末端である、Ｃａｓニッカーゼドメイン；及び
前記ＲＴドメインと前記Ｃａｓニッカーゼドメインとの間に配置されるリンカーであって、前記参照遺伝子組換えポリペプチドのリンカーを含むリンカー
を含む遺伝子組換えポリペプチド。
【請求項７２】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子。
【請求項７３】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチドを含む細胞。
【請求項７４】
請求項７２に記載の核酸分子を含む細胞。
【請求項７５】
システムであって、
ｉ）請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド又は請求項７

２に記載の遺伝子組換えポリペプチドをコードする核酸分子、並びに
ｉｉ）鋳型ＲＮＡであって、
ａ）標的核酸配列の一部に相補的なｇＲＮＡスペーサー；
ｂ）前記遺伝子組換えポリペプチドの前記Ｃａｓニッカーゼドメインに結合するｇＲＮＡスカフォールド；
ｃ）異種目的配列；及び
ｄ）プライマー結合部位配列
を含む鋳型ＲＮＡ
を含むシステム。
【請求項７６】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、請求項７２に記載の核酸又は請求項７５に記載のシステムを含む脂質ナノ粒子製剤。
【請求項７７】
細胞内の標的核酸分子を修飾する方法であって、前記細胞を、請求項７５に記載のシステムと接触させ、それにより前記標的核酸分子を修飾することを含む方法。
【請求項７８】
請求項６４～７１のいずれか一項に記載の遺伝子組換えポリペプチド、又は請求項７２に記載の核酸、又は請求項７５に記載のシステムを使用して、標的プライム逆転写によって標的ゲノムを修飾する方法であって、前記標的ゲノムを、前記遺伝子組換えポリペプチド、核酸又はシステムと接触させ、それにより前記標的核酸分子を修飾することを含む方法。

【国際調査報告】

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2022/076045

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC(8) - INV. - C12N 9/22; C12N 9/12 (2023.01)
ADD. - C12N 15/10 (2023.01)

CPC - INV. - C12N 9/22; C12N 9/1276 (2023.02)

ADD. - C07K 2319/80; C07K 2319/85; C12N 15/102; C12Y 207/07049 (2023.02)

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

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
See Search History document

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

Electronic database consulted during the international search (name of database and, where practicable, search terms used)
See Search History document

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

| Category* | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages | Relevant to claim No. |
|---|---|---|
| A | WO 2020/191234 A1 (THE BROAD INSTITUTE INC. et al) 24 September 2020 (24.09.2020) entire document | 1-3, 38-60, 62-74 |
| A | WO 2021/080922 A1 (THE TRUSTEES OF COLUMBIA UNIVERSITY IN THE CITY OF NEW YORK) 29 April 2021 (29.04.2021) entire document | 1-3, 38-60, 62-74 |
| A | US 2021/0130835 A1 (PAIRWISE PLANTS SERVICES INC.) 06 May 2021 (06.05.2021) entire document | 1-3, 38-60, 62-74 |
| A | WO 2021/138469 A1 (THE BROAD INSTITUTE INC. et al) 08 July 2021 (08.07.2021) entire document | 1-3, 38-60, 62-74 |

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

* Special categories of cited documents:
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
"D" document cited by the applicant in the international application
"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed
"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"&" document member of the same patent family

| Date of the actual completion of the international search | Date of mailing of the international search report |
|---|---|
| 27 March 2023 | APR 13 2023 |
| Name and mailing address of the ISA/<br>Mail Stop PCT, Attn: ISA/US, Commissioner for Patents<br>P.O. Box 1450, Alexandria, VA 22313-1450<br>Facsimile No. 571-273-8300 | Authorized officer<br>Taina Matos<br>Telephone No. PCT Helpdesk: 571-272-4300 |

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 2022)

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.
PCT/US2022/076045

**Box No. I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item 1.c of the first sheet)**

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application, the international search was carried out on the basis of a sequence listing:

   a. ☐ forming part of the international application as filed.

   b. ☒ furnished subsequent to the international filing date for the purposes of international search (Rule 13*ter*.1(a)),

      ☒ accompanied by a statement to the effect that the sequence listing does not go beyond the disclosure in the international application as filed.

2. ☐ With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application, this report has been established to the extent that a meaningful search could be carried out without a WIPO Standard ST.26 compliant sequence listing.

3. Additional comments:

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2022/078045

**Box No. II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 of first sheet)**

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☒ Claims Nos.: 4-37, 61, 75-78
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box No. III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:
See extra sheet(s).

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying additional fees, this Authority did not invite payment of additional fees.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
1-3, 38-60, 62-74

**Remark on Protest**

☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest and, where applicable, the payment of a protest fee.

☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest but the applicable protest fee was not paid within the time limit specified in the invitation.

☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Form PCT/ISA/210 (continuation of first sheet (2)) (July 2022)

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.
PCT/US2022/076045

Continued from Box No. III Observations where unity of invention is lacking

This application contains the following inventions or groups of inventions which are not so linked as to form a single general inventive concept under PCT Rule 13.1. In order for all inventions to be examined, the appropriate additional examination fees need to be paid.

Group I+: claims 1-3, 38-60, and 62-74 are drawn to gene modifying polypeptides, nucleic acids encoding the gene modifying polypeptide thereof, systems thereof, methods for modifying a target nucleic acid in a cell, and cells thereof.

This first invention of Group I+ is restricted to a gene modifying polypeptide having the sequence selected to be SEQ ID NO: 1, nucleic acids encoding the gene modifying polypeptide thereof, systems thereof, methods for modifying a target nucleic acid in a cell, and cells thereof. It is believed that claims 1-3, 38-60, and 62-74 read on this first named invention and thus these claims will be searched without fee to the extent that they read on a gene modifying polypeptide having the sequence selected to be SEQ ID NO: 1.

Applicant is invited to elect additional gene modifying polypeptides to be searched by paying additional fee for each set of election. An exemplary election would be a gene modifying polypeptide having the sequence selected to be SEQ ID NO: 2, nucleic acids encoding the gene modifying polypeptide thereof, systems thereof, methods for modifying a target nucleic acid in a cell, and cells thereof. Additional gene modifying polypeptides will be searched upon the payment of additional fees. Applicants must specify the claims that read on any additional elected inventions. Applicants must further indicate, if applicable, the claims which read on the first named invention if different than what was indicated above for this group. Failure to clearly identify how any paid additional invention fees are to be applied to the "+" group(s) will result in only the first claimed invention to be searched/examined.

The inventions listed in Groups I+ do not relate to a single general inventive concept under PCT Rule 13.1, because under PCT Rule 13.2 they lack the same or corresponding special technical features for the following reasons:

The Groups I+ formulas do not share a significant structural element, requiring the selection of "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table 1, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker has a sequence from the same row of Table 1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain comprising the RT domain of a reference gene modifying polypeptide having the sequence of any one of SEQ ID NOs: 1-7743, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises the linker of said reference gene modifying polypeptide, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table 1, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker has a sequence from the same row of Table 1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table A1, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table A1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table A5, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table T1, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table T2, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D1, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D2, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D2 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D3, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D3 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D4, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D4 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D5, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D5 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D6, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2022/076045

Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D6 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D7, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D7 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D8, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D8 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D9, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D9 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D10, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D10 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D11, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D11 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table D12, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table D12 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table T1, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table T1 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain of Table T2, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence from the same row of Table T2 as the RT domain, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); an AVIRE reverse transcriptase (RT) domain (e.g., as described herein), or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the RT domain is Cterminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, wherein the linker comprises a sequence as listed in Figure 11, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain comprising an amino acid sequence of an RT domain provided in any one of SEQ ID NOs: 1-7743, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain comprising an amino acid sequence of a linker as listed in Table 10, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto, wherein the amino acid sequences of the RT domain and the linker are provided in the same amino acid sequence of any one of SEQ ID NOs: 1-7743," "a reverse transcriptase (RT) domain of an AVIRE RT, or an amino acid sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the Cas nickase domain and the RT domain, wherein the linker comprises an amino acid sequence as listed in Table 10, or an amino acid sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a reverse transcriptase (RT) domain of an AVIRE RT, or an amino acid sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the Cas nickase domain and the RT domain, wherein the linker comprises an amino acid sequence as listed in Table 10, or an amino acid sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a reverse transcriptase (RT) domain comprising the RT domain of a reference gene modifying polypeptide having sequence of any one of SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 12, 13, 14, 6076, 6143, 6200, 6254, 6274, 6315, 6970, 7025, 7052, 7078, 1141, 1142, 1143, 1144, 1158, 1159, 1160, 1161, 6201, 6227, 6244, 6250, 6651, 6659, 6683, 6703, 6971, 7009, 7018, 7045, 7380, 7402, 7462, 7487, 1378, 1379, 1380, 1381, 1395, 1396, 1397, 1398, 1412, 1413, 1414, 1415, 1429, 1430, 1431, 1432, 1447, 6001, 6030, 6078, 6652, 6733, 6756, 6765, 6328, 6337, 6403, 7243, 7253, 7318, 1145, 1146, 1147, 1162, 1163, 1164, 6264, 6289, 6304, 6727, 6732, 6745, 7053, 7068, 7079, 7525, 7569, 7626, 1382, 1383, 1384, 1399, 1400, 1401, 1416, 1417, 1418, 1433, 1434, 1435, 6108, 6130, 6165, 6798, 6824, 6972, 7351, 7381, 7403, 7438, 7488, 7500, 7526, 6420, 6440, 6513, 6552, 6613, 6671, 6822, 6840, 6884, 6907, 7379, 7486, 7524, 7668, 7680, 7720, 1137, 1138, 1139, 1140, 1148, 1149, 1150, 1151, 1152, 1153, 1154, 1155, 1156, 1157, 1165, 1166, 1167, 6015, 6029, 6045, 6077, 6129, 6144, 6164, 6316, 6384, 6421, 6441, 6492, 6514, 6530, 6569, 6584, 6621, 6755, 6784, 6817, 6823, 6841, 6871, 6885, 6898, 6908, 6933, 7096, 7104, 7122, 7151, 7163, 7181, 7244, 7273, 7319, 7336, 7689, 7707, 7721, 1371, 1372, 1373, 1374, 1375, 1376, 1377, 1385, 1386, 1387, 1388, 1389, 1390, 1391, 1392, 1393, 1394, 1402, 1403, 1404, 1405, 1406, 1407, 1408, 1409, 1410, 1411, 1419, 1420, 1421, 1422, 1423, 1424, 1425, 1426, 1427, 1428, 1436, 1437, 1439, 1440, 1441, 1442, 1443, 1444, 1445, 1446, 6265, 6275, 6305, 6329, 6370, 6385, 6404, 6531, 6585, 6622, 7046, 7054, 7069, 7080, 7105, 7123, 7143, 7152, 7204, 7320, 7588, 7612, 7627 or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the Cas nickase domain and the RT domain, wherein the linker comprises the linker of said reference gene modifying polypeptide, or a sequence having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, or 99% identity thereto," "a reverse transcriptase (RT) domain having the sequence of SEQ ID NO: 8,003, or a sequence having at least 95o identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas nickase domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas nickase domain, wherein the linker comprises an amino acid sequence according to SEQ ID NO: 5217 or 15,401," "a reverse transcriptase (RT) domain having the sequence of SEQ ID NO: 8,020, or a sequence having at least 95% identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas nickase domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas nickase domain, wherein the linker comprises an amino acid sequence according to SEQ ID NO: 5217 or 15,402," "a reverse transcriptase (RT) domain having the sequence of SEQ ID NO: 8,074, or a sequence having at least 95% identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas nickase domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas nickase domain, wherein the linker comprises an amino

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2022/076045

acid sequence according to SEQ ID NO: 15,403," "a reverse transcriptase (RT) domain having the sequence of SEQ ID NO: 8, 113, or a sequence having at least 95% identity thereto; a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas nickase domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas nickase domain, wherein the linker comprises an amino acid sequence according to SEQ ID NO: 15,404," and "a reverse transcriptase (RT) domain comprising the RT domain of a reference gene modifying polypeptide having the sequence of any one of SEQ ID NOs: 1-7743,; and a Cas nickase domain, wherein the RT domain is C-terminal of the Cas nickase domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas nickase domain, wherein the linker comprises the linker of said reference gene modifying polypeptide."

Additionally, even if Groups I+ were considered to share the technical features of a gene modifying polypeptide comprising: a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT), wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain; and a gene modifying polypeptide comprising: a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain, nucleic acids encoding the gene modifying polypeptide thereof, systems thereof, methods for modifying a target nucleic acid in a cell, and cells thereof these shared technical features do not represent a contribution over the prior art as disclosed by WO 2021/138469 to The Broad Institute Inc. et al. (hereinafter, "The Broad").

Specifically The Broad teaches a gene modifying polypeptide (Abstract, Systems and methods for targeted gene modification) comprising: a Cas domain (e.g., a Cas nickase domain, e.g., a Cas9 nickase domain); a reverse transcriptase (RT) (Para. [0007], an engineered or non-naturally occurring composition comprising: a. a wild type Cas polypeptide; b. a reverse transcriptase (RT) polypeptide connected to or otherwise capable of forming a complex with the Cas polypeptide), wherein the RT domain is C-terminal of the Cas domain; and a linker disposed between the RT domain and the Cas domain (Para. [0025], FIG. 6 - Schematic showing a Cas9 fusion protein wherein Gam and the reverse transcriptase is connected to Cas9 and Rad52 is connected to the reverse transcriptase; Para. [0128], the CRISPR-Cas protein is linked C-terminally to the N- terminus of a domains or polypeptides by means of an LEPGEKPYKCPECGKSFSQSGAL TRHQRTHTR (SEQ ID NO: 32) linker); nucleic acids encoding the gene modifying polypeptide thereof (Para. [0253], nucleic acids encoding components of a nucleic acid-targeting system to cells in culture, or in a host organism), systems thereof (Para. [0261], a CRISPR system, e.g., a plurality of cassettes comprising or consisting a first cassette comprising or consisting essentially of a promoter, a nucleic acid molecule encoding a CRISPR-associated (Cas) protein (putative nuclease or helicase proteins), e.g., Cas9 and a terminator, and a two, or more, advantageously up to the packaging size limit of the vector, e.g., in total (including the first cassette) five, cassettes comprising or consisting essentially of a promoter, nucleic acid molecule encoding guide RNA (gRNA) and a terminator), methods for modifying a target nucleic acid in a cell (Para. [0004], systems, methods and compositions used for targeted gene modification, targeted insertion, targeted deletion, nucleic acid editing. Novel nucleic acid targeting systems comprise components of Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR) systems, reverse transcriptase elements, and guide sequences targeting the modification site of interest), and cells thereof (Para. [0265], a cell transfected with one or more vectors described herein is used to establish a new cell line comprising one or more vector-derived sequences. In some embodiments, a cell transiently transfected with the components of a system as described herein)

The inventions listed in Groups I+ therefore lack unity under Rule 13 because they do not share a same or corresponding special technical features.

フロントページの続き

| (51)国際特許分類 | | FI | | | テーマコード（参考） |
|---|---|---|---|---|---|
| *Ｃ１２Ｎ* | *15/54 (2006.01)* | Ｃ１２Ｎ | 15/54 | | |
| *Ｃ１２Ｎ* | *15/56 (2006.01)* | Ｃ１２Ｎ | 15/56 | | |
| *Ｃ１２Ｎ* | *15/113(2010.01)* | Ｃ１２Ｎ | 15/113 | Ｚ | |
| *Ｃ１２Ｎ* | *15/09 (2006.01)* | Ｃ１２Ｎ | 15/09 | １１０ | |
| *Ａ６１Ｋ* | *38/17 (2006.01)* | Ａ６１Ｋ | 38/17 | | |
| *Ａ６１Ｋ* | *48/00 (2006.01)* | Ａ６１Ｋ | 48/00 | | |
| *Ａ６１Ｋ* | *47/69 (2017.01)* | Ａ６１Ｋ | 47/69 | | |
| *Ａ６１Ｐ* | *43/00 (2006.01)* | Ａ６１Ｐ | 43/00 | １０５ | |

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

弁護士　山本 健策

(72)発明者　アルトシュラー， ロバート チャールズ
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　ボスマー， アン ヘレン
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　コッター－ラムシノ， セシリア ジョバンナ シルビア
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　コトラー， ランディ ミシェル
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　レイ， アナーニャ
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　ロケ， ナサニエル
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　サンチェス， カルロス
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

(72)発明者　スタインバーグ， バレット イーサン
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１４２， ケンブリッジ， ケンブリッジ パークウェイ ５５， スイート ８００イー

Ｆターム（参考）　4B065　AA90X AB01 BA02 CA44 CA46
4C076　AA19 AA65 AA95 CC26 FF16 FF43
4C084　AA01 AA07 AA13 BA01 BA35 MA24 MA38 NA14 ZB21
4H045　AA10 AA20 AA30 BA09 BA41 DA89 EA20 FA74